

PCT

WELTOORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/00		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 21. Oktober 1999 (21.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01087 (22) Internationales Anmeldedatum: 7. April 1999 (07.04.99)		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(30) Prioritätsdaten: 198 17 557.4 9. April 1998 (09.04.98) DE		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(71) Anmelder (<i>für alle Bestimmungsstaaten ausser US</i>): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (<i>nur für US</i>): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißenberg (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE			
(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGEWEBE			
(57) Abstract			
The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same.			
(57) Zusammenfassung			
Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.			

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumorgewebe

- 5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
- 20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

50

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 10 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

30 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovariumgewebe erhöht exprimiert sind.

35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer

dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

35 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

40 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

45 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

50 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

55 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.

10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

30 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

45 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-

10 Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

15 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 **Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen**

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

25

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

30

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

35

Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

40

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

45 **Erklärung zu den Alignmentparametern**

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

50

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

5 **Erklärung der Abbildungen**

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- 10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- 15 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- 20 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Gembereiche darstellten.

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovariumsgewebe ESTs.

35

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

45

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2**Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

15

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S , z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

30

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

35

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
40	Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0126	0.0082	1.5299	0.6536
45	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
50	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
55	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000

	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
5	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0426			
	 FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
25	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
35	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
40	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0479			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
10	Blase	0.0117	0.0128	0.9153 1.0926
15	Brust	0.0090	0.0169	0.5293 1.8893
	Duendarm	0.0092	0.0331	0.2781 3.5964
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
20	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0426	0.4795 2.0856
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390 0.8780
	Gehirn	0.0274	0.0195	1.4020 0.7133
25	Haematopoetisch	0.0107	0.1136	0.0941 10.6267
	Haut	0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
	Herz	0.0307	0.0137	2.2358 0.4473
30	Hoden	0.0115	0.0819	0.1406 7.1142
	Lunge	0.0104	0.0286	0.3629 2.7557
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908 0.5289
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282 1.5918
	Niere	0.0163	0.0342	0.4758 2.1016
35	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966 0.8357
	Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445 1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.5277	0.0512 19.5264
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0408	0.5611 1.7821
40	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0160		
	Prostata-Hyperplasie	0.0297		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095		
	Zervix	0.0106		
			FOETUS %Haeufigkeit	
45	Entwicklung	0.0696		
	Gastrointestinal	0.0167		
	Gehirn	0.0626		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
50	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0285		
	Lunge	0.0072		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
55	Placenta	0.0303		
	Prostata	0.0997		
	Sinnesorgane	0.0126		
60			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
65	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0000		

	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
5	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
10	Uterus_n	0.0000

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID
 15 No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe
 vorkommt.

20 Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
25	Blase	0.0117	0.0026	4.5763 0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403 2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
30	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
35	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129 1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
40	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236 0.9769
45	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0445		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0213		
55		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
60	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
65	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		

Placenta 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

5

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
 %Haeufigkeit
 Brust 0.0136
 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.1418
 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0047
 Gastrointestinal 0.0244
 Haematopoetisch 0.0000
 Haut-Muskel 0.0000
 Hoden 0.0154
 Lunge 0.0000
 Nerven 0.0000
 Prostata 0.0137
 Sinnesorgane 0.0000
 Uterus_n 0.0000

25 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
30	Blase 0.0078	0.0077	1.0170 0.9833
	Brust 0.0179	0.0075	2.3818 0.4198
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289 3.0402
35	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887 0.8413
	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664 1.0348
	Gehirn 0.0059	0.0103	0.5760 1.7362
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
40	Hepatisch 0.0095	0.0129	0.7353 1.3600
	Herz 0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0351	0.0000 undef
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175 3.1494
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
45	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994 1.0006
	Niere 0.0109	0.0068	1.5861 0.6305
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
50	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
55	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0000		
60	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
65	Gastrointenstinal 0.0083		
	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0157		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		

Herz-Blutgefaesse 0.0142
Lunge 0.0145
Nebenniere 0.0254
Niere 0.0000
Placenta 0.0061
Prostata 0.0000
Sinnesorgane 0.0000

5

10 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit
Brust 0.0136
Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0000
15 Endokrines_Gewebe 0.0245
Foetal 0.0070
Gastrointestinal 0.0122
Haematopoetisch 0.0057
Haut-Muskel 0.0032
20 Hoden 0.0154
Lunge 0.0164
Nerven 0.0141
Prostata 0.0205
25 Sinnesorgane 0.0000
Uterus_n 0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_aligemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139	0.0000	undef	undef
	Gastrointenstinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefaesse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
50	 				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Eierstock_t	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0035	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0171	0.0000	undef	undef
60	Haut-Muskel	0.0194	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0082	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0020	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0137	0.0000	undef	undef
65	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
		Brust 0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
		Duenndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
		Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528 2.2083
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353 28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
	Zervix	0.0106		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0142		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0251		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	- Foetal	0.0093		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0060		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0208		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
		Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000	undef
10		Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
		Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
		Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
		Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
		Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15		Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
		Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
		Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
		Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20		Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
		Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
		Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
		Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
		Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust-Hyperplasie 0.0000			
		Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30		Samenblase 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
		Zervix 0.0000			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointenstinal 0.0000			
		Gehirn 0.0000			
40		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefaesse 0.0000			
		Lunge 0.0000			
45		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0000			
		Placenta 0.0000			
		Prostata 0.0000			
50		Sinnesorgane 0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
55		Brust 0.0000			
		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0000			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0012			
60		Gastrointestinal 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0000			
65		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
		Brust 0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
		Duenndarm 0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
		Eierstock 0.0120	0.0390	0.3070	3.2573
10	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990
	Gastrointestinal	0.0211	0.0324	0.6508	1.5365
	Gehirn	0.0126	0.0144	0.8742	1.1439
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0217			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointenstinal	0.0167			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
		Brust 0.0026	0.0113	0.2268 4.4083
		Duenndarm 0.0031	0.0331	0.0927 10.7893
		Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189 0.9815
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142 2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798 0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991 3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0000		
		Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
		Lunge 0.0072		
45	Nebenniere	0.0000		
		Niere 0.0000		
		Placenta 0.0000		
		Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
		Brust 0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0052		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0120		
65	Prostata	0.0205		
	Sinnesorgane	0.0077		
	Uterus_n	0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
		Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
		Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
		Gehirn 0.0037	0.0000	undef	0.0000
		Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15		Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
		Herz 0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
		Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
		Lunge 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
		Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
		Pankreas 0.0050	0.0000	undef	0.0000
		Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
		Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
		Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
		Lunge 0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
		Niere 0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
55		Brust 0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
		Foetal 0.0111			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
		Haut-Muskel 0.0130			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef undef
		Brust 0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
		Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698 5.8889
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000
		Gehirn 0.0081	0.0072	1.1314 0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354 0.6513
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427 23.4317
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0149		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkörperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointestinal 0.0028		
		Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0039		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
		Lunge 0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
		Niere 0.0062		
		Placenta 0.0000		
		Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
		Brust 0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
		Foetal 0.0093		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
		Haut-Muskel 0.0032		
		Hoden 0.0309		
		Lunge 0.0000		
		Nerven 0.0100		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0077		
	Uterus_n	0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0125		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0156	0.0026	6.1018 0.1639
	Brust 0.0102	0.0038	2.7221 0.3674
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0170	0.0201	0.8491 1.1778
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0126	0.0072	1.7485 0.5719
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef 0.0000
15	Haut 0.0220	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0000	undef 0.0000
20	Lunge 0.0093	0.0061	1.5241 0.6561
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0137	0.0180	0.7615 1.3133
	Niere 0.0054	0.0479	0.1133 8.8268
25	Pankreas 0.0083	0.0055	1.4957 0.6686
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0087	0.0021	4.0945 0.2442
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
30	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0068	5.6113 0.1782
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
35	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0095		
	Zervix 0.0000		
40	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointenstinal 0.0083		
	Gehirn 0.0063		
45	Haematopoetisch 0.0118		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0107		
50	Lunge 0.0072		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0247		
	Placenta 0.0182		
55	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
60	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
65	Foetal 0.0082		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0259		
70	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0040		
	Prostata 0.0205		
75	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
		Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000	undef
10		Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
		Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
		Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
		Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
		Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
		Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15		Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
		Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
		Lunge 0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20		Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
		Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
		Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
		Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
25		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust-Hyperplasie 0.0000			
		Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30		Samenblase 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0235			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
		Zervix 0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointenstinal 0.0000			
		Gehirn 0.0000			
40		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefaesse 0.0000			
		Lunge 0.0000			
45		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0000			
		Placenta 0.0000			
		Prostata 0.0000			
50		Sinnesorgane 0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55		Brust 0.0068			
		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0000			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0012			
60		Gastrointestinal 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0077			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0020			
65		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
50	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
60	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
65	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
70	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
75	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0117	0.0179	0.6538 1.5296
		Brust 0.0307	0.0226	1.3611 0.7347
		Duenndarm 0.0215	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0090	0.0338	0.2657 3.7640
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538 1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz	0.0148	0.0137	1.0794 0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591 0.4631
20	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421 0.1983
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850 0.7782
	Niere	0.0163	0.0274	0.5948 1.6813
	Pankreas	0.0198	0.0166	1.1966 0.8357
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata	0.0196	0.0064	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0178		
30	Sinnesorgane	0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182		
	Zervix	0.0426		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0139		
		Gastrointenstinal 0.0056		
		Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0039		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0249		
		Lunge 0.0181		
45	Nebenniere	0.0000		
		Niere 0.0000		
		Placenta 0.0061		
		Prostata 0.0499		
50	Sinnesorgane	0.0126		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
55	Brust	0.0136		
	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0051		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0041		
60	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0130		
	Hoden	0.0077		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0110		
65	Prostata	0.0274		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0458		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0125	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn 0.0044	0.0021	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0104	0.0041	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0319		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0251		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0203		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0128		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0259		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0100		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0333		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0051		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0029		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
		Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
		Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313 4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562 0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0000		
		Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0039		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
		Lunge 0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
		Niere 0.0000		
		Placenta 0.0000		
		Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
		Brust 0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	- Foetal	0.0029		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0171		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
65	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
		Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointenstinal 0.0000			
		Gehirn 0.0000			
40		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefaesse 0.0000			
		Lunge 0.0000			
45		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0000			
		Placenta 0.0000			
		Prostata 0.0000			
50		Sinnesorgane 0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
55		Brust 0.0000			
		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0000			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0000			
60		Gastrointestinal 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0020			
65		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0155			
		Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
65	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0051	0.0019	2.7221 0.3674
	Duenndarm 0.0031	0.0331	0.0927 10.7893
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0096	0.0093	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0059	0.0021	2.8798 0.3472
	Haematopoetisch 0.0000	0.0379	0.0000 undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0042	0.0061	0.6774 1.4763
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0137	0.1983 5.0439
	Pankreas 0.0099	0.0055	1.7949 0.5571
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0249		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0195	0.0077	2.5424 0.3933
		Brust 0.0064	0.0075	0.8507 1.1756
		Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800 1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764 5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
	Herz	0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129 1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711 1.7510
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885 0.4187
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069		
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0157		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0249		
50	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust	0.0136		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0203		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0099		
60	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0171		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0246		
	Nerven	0.0060		
65	Prostata	0.0205		
	Sinnesorgane	0.0387		
	Uterus_n	0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0204	0.1907 5.2444
	Brust 0.0141	0.0263	0.5347 1.8702
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0312	0.2878 3.4745
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0150	0.9057 1.1042
	Gastrointestinal 0.0192	0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0222	0.0113	1.9635 0.5093
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
	Herz 0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0135	0.0123	1.1007 0.9085
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett 0.0188	0.0300	0.6282 1.5918
	Niere 0.0163	0.0205	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0083	0.0221	0.3739 2.6743
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0109	0.0043	2.5591 0.3908
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0204	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0954	0.1067 9.3678
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenbiase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0111		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0107		
	Lunge 0.0072		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.1595		
	Eierstock_t 0.0203		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0058		
60	Gastrointestinal 0.0488		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0060		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0234	0.0204	1.1441 0.8741
	Brust	0.0192	0.0470	0.4083 2.4491
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645 6.0803
10	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170 0.3681
	Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443 1.5522
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382 0.5440
	Herz	0.0095	0.0412	0.2313 4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0166	0.0184	0.9032 1.1072
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404 1.1900
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284 4.3775
	Niere	0.0543	0.0411	1.3217 0.7566
	Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906 0.3039
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246 4.4517
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060 0.5862
25	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0352		
	Prostata-Hyperplasie	0.0535		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078		
	Zervix	0.0106		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0083		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0249		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0204		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0017		
60	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0040		
65	Prostata	0.0137		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0074	0.0051	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0027	0.0379	0.0706 14.1689
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0128	0.1706 5.8615
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	- Foetal 0.0041		
	Gastrointestinal 0.0122		
60	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0030		
65	Prostata 0.0137		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
		Brust 0.0090	0.0038	2.3818 0.4198
		Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10		Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887 0.8413
		Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
		Gehirn 0.0015	0.0031	0.4800 2.0835
		Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
		Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15		Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
		Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
		Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
		Lunge 0.0010	0.0041	0.2540 3.9367
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20		Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
		Niere 0.0000	0.0000	undef undef
		Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
		Penis 0.0000	0.0000	undef undef
		Prostata 0.0109	0.0043	2.5591 0.3908
25		Uterus_Endometrium 0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
		Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000 undef
		Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
		Brust-Hyperplasie 0.0000		
		Prostata-Hyperplasie 0.0059		
		Samenblase 0.0000		
30		Sinnesorgane 0.0000		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
		Zervix 0.0213		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointestinal 0.0028		
		Gehirn 0.0000		
40		Haematopoetisch 0.0039		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
		Herz-Blutgefaesse 0.0000		
		Lunge 0.0217		
45		Nebenniere 0.0000		
		Niere 0.0124		
		Placenta 0.0121		
		Prostata 0.0000		
50		Sinnesorgane 0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
55		Brust 0.0136		
		Eierstock_n 0.0000		
		Eierstock_t 0.0101		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0076		
60		Gastrointestinal 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0000		
		Haut-Muskel 0.0032		
		Hoden 0.0000		
		Lunge 0.0000		
		Nerven 0.0030		
65		Prostata 0.0137		
		Sinnesorgane 0.0000		
		Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0000	0.0019	0.0000	undef
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
		Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
		Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35			FOETUS %Haeufigkeit		
			Entwicklung 0.0000		
			Gastrointestinal 0.0000		
			Gehirn 0.0000		
40			Haematopoetisch 0.0000		
			Haut 0.0000		
			Hepatisch 0.0000		
			Herz-Blutgefaesse 0.0000		
			Lunge 0.0000		
45			Nebenniere 0.0000		
			Niere 0.0062		
			Placenta 0.0000		
			Prostata 0.0000		
50			Sinnesorgane 0.0000		
				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55			Brust 0.0000		
			Eierstock_n 0.0000		
			Eierstock_t 0.0000		
			Endokrines_Gewebe 0.0000		
			Foetal 0.0023		
60			Gastrointestinal 0.0000		
			Haematopoetisch 0.0000		
			Haut-Muskel 0.0032		
			Hoden 0.0000		
			Lunge 0.0000		
			Nerven 0.0020		
65			Prostata 0.0000		
			Sinnesorgane 0.0000		
			Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0026	3.0509 0.3278
	Brust 0.0038	0.0113	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0702	0.0426 23.4526
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0556	0.0278	2.0018 0.4995
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0323	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0062	0.0082	0.7621 1.3122
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0065	0.0255	0.2559 3.9077
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0357		
	Samenblase 0.0890		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0213		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0167		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0152		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0137		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0021	0.0123	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0038	0.0075	0.5104 1.9593
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0012		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0663	0.0741	0.8942 1.1183
	Brust 0.0640	0.0846	0.7561 1.3225
	Duenndarm 0.1104	0.0165	6.6733 0.1499
	Eierstock 0.0958	0.1951	0.4912 2.0358
10	Endokrines_Gewebe 0.0511	0.0426	1.1987 0.8343
	Gastrointestinal 0.1188	0.1527	0.7781 1.2851
	Gehirn 0.0584	0.0863	0.6771 1.4769
	Haematopoetisch 0.1016	0.1136	0.8940 1.1186
	Haut 0.0698	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0776	0.0613 16.3199
15	Herz 0.1304	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0230	0.0819	0.2811 3.5571
	Lunge 0.1620	0.1227	1.3209 0.7571
	Magen-Speiseroehre 0.0580	0.1073	0.5402 1.8511
	Muskel-Skelett 0.1045	0.0480	2.1773 0.4593
20	Niere 0.0516	0.0959	0.5381 1.8583
	Pankreas 0.0529	0.1491	0.3545 2.8205
	Penis 0.0749	0.0800	0.9360 1.0684
	Prostata 0.0632	0.0426	1.4843 0.6737
	Uterus_Endometrium 0.0676	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.1067	0.2309	0.4621 2.1640
	Uterus_allgemein 0.1528	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0480		
	Prostata-Hyperplasie 0.0476		
	Samenblase 0.0534		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1309		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointestinal 0.0333		
	Gehirn 0.0626		
40	Haematopoetisch 0.0590		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0391		
	Lunge 0.0650		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0432		
	Placenta 0.0424		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0126		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.1595		
	Eierstock_t 0.0152		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0052		
	Gastrointestinal 0.0244		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0573		
	Nerven 0.0181		
65	Prostata 0.0342		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0333		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0038	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0192	0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0015	0.0062	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0052	0.0061	0.8467 1.1810
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0051		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0139	0.0000 undef
	Gehirn 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0137	0.0000 undef
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0234	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.3189	0.0153	20.7988 0.0481
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0286	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0075	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0030	0.0072	0.4114 2.4307
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0054	0.0137	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0070		
	Gastrointestinal 0.0122		
60	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0137		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0291		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0039	0.0077	0.5085 1.9666
		Brust 0.0051	0.0056	0.9074 1.1021
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
		Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
10		Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0025	4.0755 0.2454
		Gastrointestinal 0.0115	0.0093	1.2425 0.8048
		Gehirn 0.0044	0.0062	0.7200 1.3890
		Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
		Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
		Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15		Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
		Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
		Lunge 0.0062	0.0061	1.0161 0.9842
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
		Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428 7.0040
20		Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
		Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
		Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
		Prostata 0.0065	0.0021	3.0709 0.3256
		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25		Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
		Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0000		
		Prostata-Hyperplasie 0.0149		
		Samenblase 0.0000		
30		Sinnesorgane 0.0118		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
		Zervix 0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0139		
		Gastrointestinal 0.0111		
		Gehirn 0.0063		
40		Haematopoetisch 0.0039		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
		Herz-Blutgefaesse 0.0071		
		Lunge 0.0000		
45		Nebenniere 0.0000		
		Niere 0.0247		
		Placenta 0.0061		
		Prostata 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0126		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
		Brust 0.0000		
55		Eierstock_n 0.0000		
		Eierstock_t 0.0000		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0012		
		Gastrointestinal 0.0000		
60		Haematopoetisch 0.0000		
		Haut-Muskel 0.0065		
		Hoden 0.0000		
		Lunge 0.0164		
		Nerven 0.0070		
65		Prostata 0.0068		
		Sinnesorgane 0.0000		
		Uterus_n 0.0167		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0096	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0122		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0037	0.0010	3.5998 0.2778
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0052	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0125		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0499		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northem für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0260	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
25	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
30				
35				
40				
45				
50				
55				
60				
65				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032	4.9209
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
50	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0010			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
	Brust 0.0090	0.0263	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0170	0.0050	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal 0.0172	0.0046	3.7275 0.2683
	Gehirn 0.0081	0.0216	0.3771 2.6517
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
15	Herz 0.0117	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0083	0.0020	4.0643 0.2460
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0060	1.9989 0.5003
20	Niere 0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0131	0.0021	6.1418 0.1628
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0051	2.2882 0.4370
	Brust 0.0090	0.0019	4.7637 0.2099
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0052	0.0041	1.2701 0.7873
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0180	0.0952 10.5060
20	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0083	0.0055	1.4957 0.6686
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0107		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0152		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0077		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5		Blase 0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
		Brust 0.0179	0.0169	1.0586	0.9446
		Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
		Eierstock 0.0060	0.0286	0.2093	4.7774
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0167			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0320			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0221			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805 1.4694
	Duendarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377 0.4907
	Gastrointestinal 0.0057	0.0139	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0037	0.0062	0.6000 1.6668
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0275	0.1542 6.4853
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824 1.4654
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0205		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0179	0.4358 2.2944
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805 1.4694
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079 0.9921
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117 4.7230
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759 0.6775
	Lunge	0.0073	0.0102	0.7112 1.4060
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983 5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043		
	Zervix	0.0213		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0188		
40	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0071		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0087		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0194		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0100		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0077		
	Uterus_n	0.0167		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701 5.8778
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849 0.6309
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143 1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411 0.3184
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331 0.6978
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0178		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0106		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0028		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0213		
	Lunge	0.0072		
45	Nebenniere	0.1014		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0136		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0052		
60	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0456		
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0077		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0040		
65	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0102	0.3814 2.6222
	Brust 0.0179	0.0038	4.7637 0.2099
	Duenndarm 0.0092	0.0496	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0060	0.0260	0.2303 4.3431
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0251	0.6113 1.6358
	Gastrointestinal 0.0211	0.0463	0.4556 2.1950
	Gehirn 0.0155	0.0103	1.5119 0.6614
	Haematopoetisch 0.0040	0.0758	0.0529 18.8919
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0388	0.0000 undef
	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0177	0.0143	1.2338 0.8105
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0109	0.0274	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0231	0.0221	1.0470 0.9551
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0204	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0256		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0095		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0278		
	Gastrointenstinal 0.0056		
	Gehirn 0.0125		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0142		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0499		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0068		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0060		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0234	0.0153	1.5254 0.6555
	Brust 0.0115	0.0113	1.0208 0.9796
	Duenndarm 0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock 0.0090	0.0286	0.3140 3.1849
10	Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0125	0.8151 1.2268
	Gastrointestinal 0.0230	0.0278	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0148	0.0144	1.0285 0.9723
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0106	0.0275	0.3855 2.5941
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0125	0.0123	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0137	0.0120	1.1422 0.8755
	Niere 0.0136	0.0274	0.4956 2.0176
	Pankreas 0.0099	0.0110	0.8974 1.1143
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0192	0.5687 1.7585
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0136	0.5611 1.7821
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointenstinal 0.0083		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0520		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0181		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0371		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0126		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.1595		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
		Brust 0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
		Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10		Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
		Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
		Gehirn 0.0052	0.0051	1.0079 0.9921
		Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
		Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15		Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
		Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
		Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
		Lunge 0.0031	0.0020	1.5241 0.6561
		Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20		Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
		Niere 0.0000	0.0000	undef undef
		Pankreas 0.0017	0.0221	0.0748 13.3713
		Penis 0.0000	0.0000	undef undef
		Prostata 0.0000	0.0043	0.0000 undef
25		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
		Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
		Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
		Brust-Hyperplasie 0.0032		
		Prostata-Hyperplasie 0.0000		
		Samenblase 0.0000		
30		Sinnesorgane 0.0000		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
		Zervix 0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0000		
		Gehirn 0.0000		
40		Haematopoetisch 0.0000		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0260		
		Herz-Blutgefaesse 0.0036		
		Lunge 0.0000		
45		Nebenniere 0.0000		
		Niere 0.0062		
		Placenta 0.0121		
		Prostata 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
		Brust 0.0068		
55		Eierstock_n 0.0000		
		Eierstock_t 0.0000		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0082		
60		Gastrointestinal 0.0122		
		Haematopoetisch 0.0114		
		Haut-Muskel 0.0000		
		Hoden 0.0000		
		Lunge 0.0164		
		Nerven 0.0060		
65		Prostata 0.0068		
		Sinnesorgane 0.0000		
		Uterus_n 0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
		Brust 0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
		Duenndarm 0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
		Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
25	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointenstinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefaesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
60	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0078	0.0153	0.5085 1.9666
		Brust 0.0077	0.0132	0.5833 1.7144
		Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0072	0.3086 3.2409
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0201	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0468	0.0000 undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048 3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994 1.0006
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677 1.3026
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182		
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0028		
		Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0178		
	Lunge	0.0108		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust	0.0068		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0152		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0012		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0246		
	Nerven	0.0060		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0128	0.0150	0.8507 1.1756
	Duendarm 0.0061	0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0226	0.2264 4.4166
	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0074	0.0103	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0085	0.0275	0.3084 3.2426
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0062	0.0102	0.6096 1.6403
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0120	0.0060	1.9989 0.5003
	Niere 0.0217	0.0068	3.1722 0.3152
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0085	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0272	0.2806 3.5642
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0139		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0278		
	Gastrointenstinal 0.0056		
	Gehirn 0.0188		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0142		
	Lunge 0.0145		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0068		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0051		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0076		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0120		
65	Prostata 0.0274		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0585	0.0332	1.7601 0.5681
	Brust 0.0230	0.0132	1.7499 0.5715
	Duenndarm 0.0153	0.0827	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0150	0.0546	0.2741 3.6482
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0150	0.9057 1.1042
	Gastrointestinal 0.0192	0.0416	0.4602 2.1730
	Gehirn 0.0163	0.0277	0.5866 1.7046
	Haematopoetisch 0.0374	0.0379	0.9881 1.0121
	Haut 0.0404	0.0847	0.4765 2.0985
15	Hepatisch 0.0143	0.0388	0.3676 2.7200
	Herz 0.0297	0.0412	0.7196 1.3897
	Hoden 0.0863	0.1169	0.7380 1.3551
	Lunge 0.0364	0.0266	1.3678 0.7311
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0767	0.3782 2.6444
20	Muskel-Skelett 0.0411	0.0360	1.1422 0.8755
	Niere 0.0190	0.0137	1.3878 0.7206
	Pankreas 0.0132	0.0497	0.2659 3.7607
	Penis 0.0359	0.0800	0.4493 2.2259
	Prostata 0.0262	0.0128	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0528	0.6402 1.5621
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0251		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0278		
	Gastrointenstinal 0.0528		
	Gehirn 0.1189		
40	Haematopoetisch 0.0275		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0520		
	Herz-Blutgefaesse 0.0818		
	Lunge 0.0253		
45	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0371		
	Placenta 0.0424		
	Prostata 0.0499		
50	Sinnesorgane 0.0251		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0093		
60	Gastrointestinal 0.0366		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0389		
	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0491		
	Nerven 0.0120		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0077		
	Uterus_n 0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0060	0.0390	0.1535 6.5146
10	Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0251	0.4075 2.4537
	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0140	0.0082	1.7099 0.5848
	Haematopoetisch 0.0053	0.1515	0.0353 28.3379
	Haut 0.0220	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0104	0.0184	0.5645 1.7715
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0180	0.2856 3.5020
	Niere 0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0099	0.0110	0.8974 1.1143
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0270	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0213		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0835		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0375		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0213		
	Lunge 0.0108		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0182		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0203		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
	Gastrointestinal 0.0244		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0162		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0246		
	Nerven 0.0241		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0150	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0675	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0153	0.0139	1.1045 0.9054
	Gehirn 0.0022	0.0154	0.1440 6.9448
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0323	0.0000 undef
	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 6.3239	0.7179	8.8087 0.1135
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.2721		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0354		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
60	Gastrointestinal 0.2685		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
		Brust 0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
		Duenndarm 0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
		Eierstock 0.0090	0.0520	0.1727	5.7908
10		Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0000	undef	0.0000
		Gastrointestinal 0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
		Gehirn 0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
		Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0381	0.0970	0.3922	2.5500
15		Herz 0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
		Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
		Lunge 0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000	undef
20		Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef	0.0000
		Niere 0.0163	0.0616	0.2643	3.7829
		Pankreas 0.0396	0.0055	7.1795	0.1393
		Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
25		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000	undef
		Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
		Uterus_allgemein 0.0153	0.2863	0.0534	18.7357
		Brust-Hyperplasie 0.0000			
		Prostata-Hyperplasie 0.0000			
		Samenblase 0.0089			
30		Sinnesorgane 0.0235			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0043			
		Zervix 0.0319			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointestinal 0.0222			
		Gehirn 0.0000			
40		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefaesse 0.0000			
		Lunge 0.0036			
45		Nebenniere 0.0254			
		Niere 0.0062			
		Placenta 0.0242			
		Prostata 0.0249			
50		Sinnesorgane 0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
		Brust 0.0136			
55		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0152			
		Endokrines_Gewebe 0.0245			
		Foetal 0.0122			
		Gastrointestinal 0.0000			
60		Haematopoetisch 0.0228			
		Haut-Muskel 0.0162			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0082			
		Nerven 0.0010			
65		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0039	0.0102	0.3814 2.6222
		Brust 0.0026	0.0169	0.1512 6.6125
		Duenndarm 0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
		Eierstock 0.0060	0.0260	0.2303 4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528 2.2083
	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106 3.2193
		Gehirn 0.0044	0.0062	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048 3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559 3.9077
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0056		
		Gehirn 0.0188		
40	Haematopoetisch	0.0157		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
		Lunge 0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
		Niere 0.0000		
	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0126		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
		Brust 0.0272		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
		Foetal 0.0169		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0171		
		Haut-Muskel 0.0000		
		Hoden 0.0000		
		Lunge 0.0328		
		Nerven 0.0080		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
		Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
		Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
		Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
		Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
		Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
		Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
		Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointenstinal 0.0000			
			Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000			
			Haut 0.0000		
				Hepatisch 0.0000	
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
				Lunge 0.0108	
45			Nebenniere 0.0000		
				Niere 0.0062	
				Placenta 0.0000	
				Prostata 0.0000	
50				Sinnesorgane 0.0000	
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
55			Brust 0.0000		
			Eierstock_n 0.1595		
			Eierstock_t 0.0152		
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
			Foetal 0.0029		
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0342			
			Haut-Muskel 0.0097		
			Hoden 0.0000		
			Lunge 0.0000		
			Nerven 0.0020		
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
10	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
20	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
25	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			
30					
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0154
Lunge	0.0164
Nerven	0.0070
Prostata	0.0137
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duenndarm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
10	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
15	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
20	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung	0.0557		
		Gastrointestinal	0.1083		
		Gehirn	0.0500		
40		Haematopoetisch	0.0944		
		Haut	0.2513		
		Hepatisch	0.0260		
		Herz-Blutgefaesse	0.0712		
		Lunge	0.1409		
45		Nebenniere	0.0507		
		Niere	0.1297		
		Placenta	0.0545		
		Prostata	0.0499		
		Sinnesorgane	0.0251		
50					
55			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
		Brust	0.0340		
		Eierstock_n	0.0000		
		Eierstock_t	0.0253		
60		Endokrines_Gewebe	0.0000		
		Foetal	0.0163		
		Gastrointestinal	0.0122		
		Haematopoetisch	0.0000		
		Haut-Muskel	0.0292		
65		Hoden	0.0077		
		Lunge	0.0246		
		Nerven	0.0090		
		Prostata	0.0274		
		Sinnesorgane	0.0000		
		Uterus_n	0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0663	0.0895	0.7409 1.3497
	Brust 0.0371	0.0489	0.7591 1.3174
	Duenndarm 0.0766	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0270	0.0754	0.3573 2.7989
10	Endokrines_Gewebe 0.0170	0.0326	0.5225 1.9139
	Gastrointestinal 0.0805	0.0833	0.9664 1.0348
	Gehirn 0.0177	0.0390	0.4547 2.1992
	Haematopoetisch 0.0896	0.0758	1.1822 0.8459
	Haut 0.0551	0.1695	0.3249 3.0779
15	Hepatisch 0.0238	0.0776	0.3064 3.2640
	Herz 0.0604	0.1237	0.4883 2.0480
	Hoden 0.0288	0.0702	0.4100 2.4391
	Lunge 0.0519	0.0429	1.2096 0.8267
	Magen-Speiseroehre 0.0676	0.0843	0.8022 1.2466
20	Muskel-Skelett 0.0223	0.0240	0.9280 1.0775
	Niere 0.0353	0.0548	0.6443 1.5520
	Pankreas 0.0132	0.0773	0.1709 5.8500
	Penis 0.0838	0.0533	1.5724 0.6360
	Prostata 0.0567	0.0255	2.2179 0.4509
25	Uterus_Endometrium 0.0946	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0762	0.0679	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0407	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0505		
	Samenblase 0.0445		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0772		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointenstinal 0.0305		
	Gehirn 0.0313		
40	Haematopoetisch 0.0393		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0285		
	Lunge 0.0145		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0679		
	Placenta 0.0364		
	Prostata 0.0997		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0272		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.1468		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0105		
60	Gastrointestinal 0.0366		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0292		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0328		
	Nerven 0.0040		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiseroehre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.1246			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duenndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0100	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
	Hepatisch	0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
	Niere	0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
	Pankreas	0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1838			
	Zervix	0.0000			
35			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
			Entwicklung	0.0696	
			Gastrointestinal	0.0194	
			Gehirn	0.0000	
40			Haematopoetisch	0.0079	
			Haut	0.0000	
			Hepatisch	0.0000	
			Herz-Blutgefaesse	0.0107	
			Lunge	0.0036	
45			Nebenniere	0.0254	
			Niere	0.0062	
			Placenta	0.2302	
			Prostata	0.0000	
			Sinnesorgane	0.1632	
50			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
			Brust	0.0000	
			Eierstock_n	0.0000	
			Eierstock_t	0.0000	
			Endokrines_Gewebe	0.0000	
			Foetal	0.0128	
			Gastrointestinal	0.0000	
			Haematopoetisch	0.0000	
			Haut-Muskel	0.0032	
55			Hoden	0.0000	
			Lunge	0.0164	
			Nerven	0.0231	
			Prostata	0.0068	
			Sinnesorgane	0.0310	
60			Uterus_n	0.0000	
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0156	0.0153	1.0170 0.9833
		Brust 0.0090	0.0244	0.3664 2.7290
		Duenndarm 0.0123	0.0496	0.2472 4.0460
		Eierstock 0.0090	0.0338	0.2657 3.7640
10		Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0226	0.6038 1.6562
		Gastrointestinal 0.0172	0.0324	0.5325 1.8779
		Gehirn 0.0044	0.0216	0.2057 4.8614
		Haematopoetisch 0.0254	0.0000	undef 0.0000
		Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
		Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
15		Herz 0.0170	0.0137	1.2336 0.8107
		Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
		Lunge 0.0073	0.0286	0.2540 3.9367
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000 undef
		Muskel-Skelett 0.0051	0.0180	0.2856 3.5020
20		Niere 0.0190	0.0068	2.7756 0.3603
		Pankreas 0.0083	0.0110	0.7479 1.3371
		Penis 0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
		Prostata 0.0131	0.0106	1.2284 0.8141
25		Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
		Uterus_Myometrium 0.0076	0.0136	0.5611 1.7821
		Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0192		
		Prostata-Hyperplasie 0.0030		
		Samenblase 0.0089		
30		Sinnesorgane 0.0118		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0113		
		Zervix 0.0213		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0139		
		Gastrointenstinal 0.0250		
		Gehirn 0.0063		
40		Haematopoetisch 0.0118		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0260		
		Herz-Blutgefaesse 0.0178		
		Lunge 0.0145		
45		Nebenniere 0.0000		
		Niere 0.0371		
		Placenta 0.0061		
		Prostata 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0377		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
		Brust 0.0000		
55		Eierstock_n 0.0000		
		Eierstock_t 0.0152		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0256		
		Gastrointestinal 0.0122		
60		Haematopoetisch 0.0000		
		Haut-Muskel 0.0065		
		Hoden 0.0309		
		Lunge 0.0164		
		Nerven 0.0100		
65		Prostata 0.0068		
		Sinnesorgane 0.1084		
		Uterus_n 0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0273	0.0332	0.8214 1.2174
	Brust 0.0230	0.0188	1.2250 0.8164
	Duenndarm 0.0276	0.0331	0.8342 1.1988
	Eierstock 0.0210	0.0650	0.3224 3.1022
10	Endokrines_Gewebe 0.0238	0.0276	0.8645 1.1567
	Gastrointestinal 0.0172	0.0463	0.3728 2.6827
	Gehirn 0.0118	0.0144	0.8228 1.2153
	Haematopoetisch 0.0214	0.0379	0.5646 1.7711
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0259	0.1838 5.4400
	Herz 0.0540	0.0550	0.9830 1.0173
	Hoden 0.0173	0.0585	0.2952 3.3877
	Lunge 0.0322	0.0450	0.7159 1.3969
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0077	3.7816 0.2644
	Muskel-Skelett 0.0240	0.0600	0.3998 2.5014
20	Niere 0.0353	0.0548	0.6443 1.5520
	Pankreas 0.0165	0.0221	0.7479 1.3371
	Penis 0.0150	0.0267	0.5616 1.7807
	Prostata 0.0240	0.0405	0.5926 1.6874
25	Uterus_Endometrium 0.0270	0.1055	0.2561 3.9053
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0068	5.6113 0.1782
	Uterus_allgemein 0.0051	0.1908	0.0267 37.4714
	Brust-Hyperplasie 0.0224		
	Prostata-Hyperplasie 0.0297		
	Samenblase 0.0534		
30	Sinnesorgane 0.0588		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0234		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0557		
	Gastrointestinal 0.0083		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0142		
	Lunge 0.0253		
45	Nebenniere 0.0507		
	Niere 0.0432		
	Placenta 0.0303		
	Prostata 0.1247		
	Sinnesorgane 0.0251		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0051		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0256		
	Gastrointestinal 0.0122		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0583		
	Hoden 0.0231		
	Lunge 0.0491		
	Nerven 0.0221		
65	Prostata 0.0821		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0416		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
	 35				
	FOETUS %Haeufigkeit				
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
45	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
	 55				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
60	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
65	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
70	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			
	 75				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0128	0.3051 3.2777
	Brust 0.0141	0.0150	0.9357 1.0687
	Duendarm 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0416	0.2159 4.6326
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0176	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0096	0.0139	0.6903 1.4487
	Gehirn 0.0126	0.0031	4.0798 0.2451
	Haematopoetisch 0.0080	0.1136	0.0706 14.1689
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz 0.0191	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0117	1.4759 0.6775
	Lunge 0.0104	0.0164	0.6350 1.5747
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0120	0.5711 1.7510
	Niere 0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0131	0.0021	6.1418 0.1628
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0278		
	Gastrointestinal 0.0111		
	Gehirn 0.0250		
40	Haematopoetisch 0.0157		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0285		
	Lunge 0.0108		
45	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0377		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.1595		
	Eierstock_t 0.0152		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0070		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0231		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0191		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0155		
	Uterus_n 0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duenndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
10	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
20	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
25	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
30	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.1971			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.1040			
	Herz-Blutgefaesse	0.0427			
	Lunge	0.1120			
45	Nebenniere	0.1521			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.1212			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0628			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0262			
60	Gastrointestinal	0.1220			
	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.2211			
	Nerven	0.0502			
65	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.1471			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0156	0.0077	2.0339 0.4917
		Brust 0.0307	0.0169	1.8147 0.5510
		Duenndarm 0.0123	0.0165	0.7415 1.3487
		Eierstock 0.0120	0.0416	0.2878 3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526 0.6441
	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733 2.1127
	Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479 0.8013
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882 2.5762
	Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765 0.2720
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336 0.8107
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839 1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637 1.1579
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700 0.3891
	Niere	0.0190	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977 1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase	0.0178		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087		
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0278		
	Gastrointenstinal	0.0056		
	Gehirn	0.0438		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0427		
	Lunge	0.0145		
45	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0377		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust	0.0068		
	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0051		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0111		
60	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0491		
	Nerven	0.0231		
65	Prostata	0.0342		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
		Brust 0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
		Duenndarm 0.0245	0.0000	undef	0.0000
		Eierstock 0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
10		Endokrines_Gewebe 0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
		Gastrointestinal 0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
		Gehirn 0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
		Haematopoetisch 0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
		Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
15		Hepatisch 0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
		Herz 0.0159	0.0000	undef	0.0000
		Hoden 0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
		Lunge 0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0460	0.0000	undef
20		Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef	0.0000
		Niere 0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
		Pankreas 0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
		Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
25		Uterus_Endometrium 0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
		Uterus_Myometrium 0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
		Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0128			
		Prostata-Hyperplasie 0.0327			
		Samenblase 0.0089			
30		Sinnesorgane 0.0000			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0165			
		Zervix 0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0557			
		Gastrointenstinal 0.0222			
		Gehirn 0.0250			
40		Haematopoetisch 0.0118			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefaesse 0.0249			
		Lunge 0.0181			
45		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0062			
		Placenta 0.0242			
		Prostata 0.0249			
50		Sinnesorgane 0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55		Brust 0.0272			
		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0152			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0151			
60		Gastrointestinal 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0259			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0246			
		Nerven 0.0341			
65		Prostata 0.0274			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust 0.0051	0.0395	0.1296 7.7146
	Duenndarm 0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock 0.0030	0.0312	0.0959 10.4234
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0038	0.0139	0.2761 3.6217
	Gehirn 0.0081	0.0113	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0062	0.0020	3.0482 0.3281
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0120	0.2856 3.5020
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.1066	0.0281 35.6140
	Prostata 0.0044	0.0043	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0087		
60	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0333		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0486	0.4014 2.4911
	Brust 0.0064	0.0338	0.1890 5.2900
	Duenndarm 0.0153	0.0165	0.9268 1.0789
	Eierstock 0.0030	0.0182	0.1645 6.0803
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664 1.0348
	Gehirn 0.0052	0.0123	0.4200 2.3811
	Haematopoetisch 0.0361	0.0379	0.9528 1.0496
	Haut 0.0184	0.0847	0.2166 4.6168
15	Hepatisch 0.0048	0.0388	0.1225 8.1599
	Herz 0.0074	0.0962	0.0771 12.9706
	Hoden 0.0115	0.0234	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0665	0.0573	1.1612 0.8612
	Magen-Speiseroehte 0.0193	0.0383	0.5042 1.9833
20	Muskel-Skelett 0.0788	0.0300	2.6271 0.3807
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0116	0.0166	0.6980 1.4326
	Penis 0.0000	0.0800	0.0000 undef
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1682		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0111		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0364		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0557		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0064		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0128	0.3051 3.2777
	Brust 0.0153	0.0038	4.0832 0.2449
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0025	2.7170 0.3681
	Gastrointestinal 0.0077	0.0046	1.6567 0.6036
	Gehirn 0.0052	0.0021	2.5199 0.3968
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0844	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0201	0.0275	0.7324 1.3653
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0156	0.0061	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis 0.0329	0.1066	0.3089 3.2376
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0121		
	Zervix 0.0852		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointenstinal 0.0028		
40	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0107		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0136		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0087		
60	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
		Brust 0.0038	0.0169	0.2268 4.4083
		Duenndarm 0.0184	0.0165	1.1122 0.8991
		Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567 6.3796
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213 1.6096
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806 1.7223
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
30	Samenblase	0.0356		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0111		
40		Gehirn 0.0125		
		Haematopoetisch 0.0118		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
		Herz-Blutgefaesse 0.0107		
		Lunge 0.0181		
45		Nebenniere 0.0000		
		Niere 0.0124		
		Placenta 0.0061		
		Prostata 0.0000		
50		Sinnesorgane 0.0126		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55		Brust 0.0000		
		Eierstock_n 0.0000		
		Eierstock_t 0.0000		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0064		
60		Gastrointestinal 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0057		
		Haut-Muskel 0.0130		
		Hoden 0.0231		
		Lunge 0.0164		
		Nerven 0.0060		
65		Prostata 0.0137		
		Sinnesorgane 0.0000		
		Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0077	1.0170 0.9833
	Brust 0.0051	0.0094	0.5444 1.8368
	Duendarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0150	0.7925 1.2619
	Gastrointestinal 0.0057	0.0093	0.6213 1.6096
	Gehirn 0.0081	0.0082	0.9899 1.0102
	Haematopoetisch 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0127	0.0412	0.3084 3.2426
	Hoden 0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0073	0.0307	0.2371 4.2179
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0383	0.7563 1.3222
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere 0.0054	0.0274	0.1983 5.0439
	Pankreas 0.0033	0.0166	0.1994 5.0142
	Penis 0.0150	0.0533	0.2808 3.5614
	Prostata 0.0000	0.0106	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0121		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0064		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0328		
	Nerven 0.0040		
65	Prostata 0.0274		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0038	0.0132	0.2917 3.4287
	Duendarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0075	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0015	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0011	0.0137	0.0771 12.9706
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0145	0.0061	2.3708 0.4218
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0139		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0068		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0047		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0040		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust 0.0077	0.0113	0.6805 1.4694
	Duendarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0286	0.1047 9.5548
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0075	0.4528 2.2083
	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0059	0.0082	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0234	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0021	0.0061	0.3387 2.9526
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0017	0.0331	0.0499 20.0570
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0116		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0070		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
		Brust 0.0115	0.0132	0.8750 1.1429
		Duenndarm 0.0337	0.0496	0.6797 1.4713
		Eierstock 0.0030	0.0390	0.0768 13.0292
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0251	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal	0.0747	0.0879	0.8501 1.1763
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000 undef
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903 3.4446
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0077	6.3027 0.1587
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0163	0.0137	1.1896 0.8406
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3960 0.7163
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0083		
40	Gehirn	0.0188		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0108		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0035		
60	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0246		
	Nerven	0.0000		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.1092	0.0460	2.3729 0.4214
	Brust 0.0627	0.0865	0.7249 1.3795
	Duenndarm 0.1012	0.1158	0.8739 1.1443
	Eierstock 0.0599	0.1509	0.3970 2.5190
10	Endokrines_Gewebe 0.0852	0.2984	0.2854 3.5039
	Gastrointestinal 0.0900	0.0925	0.9733 1.0274
	Gehirn 0.1811	0.0637	2.8450 0.3515
	Haematopoetisch 0.0521	0.1136	0.4587 2.1798
	Haut 0.0587	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0809	0.0582	1.3889 0.7200
	Herz 0.1092	0.0962	1.1344 0.8815
	Hoden 0.0230	0.0234	0.9839 1.0163
	Lunge 0.0634	0.1104	0.5739 1.7425
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0460	0.8404 1.1900
20	Muskel-Skelett 0.0463	0.0420	1.1014 0.9079
	Niere 0.0706	0.1369	0.5155 1.9400
	Pankreas 0.0743	0.1049	0.7085 1.4114
	Penis 0.1467	0.0800	1.8345 0.5451
	Prostata 0.0567	0.0873	0.6491 1.5405
25	Uterus_Endometrium 0.0811	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.1067	0.1155	0.9242 1.0820
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.1407		
	Prostata-Hyperplasie 0.0713		
	Samenblase 0.0534		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0390		
	Zervix 0.0532		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.1113		
	Gastrointenstinal 0.0694		
	Gehirn 0.0938		
40	Haematopoetisch 0.0590		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.1281		
	Lunge 0.0397		
45	Nebenniere 0.0507		
	Niere 0.0432		
	Placenta 0.0485		
	Prostata 0.0499		
50	Sinnesorgane 0.1381		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0068		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0253		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0116		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0454		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0246		
	Nerven 0.0753		
65	Prostata 0.0205		
	Sinnesorgane 0.0077		
	Uterus_n 0.0500		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duendarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0057	0.0093	0.6213 1.6096
	Gehirn 0.0015	0.0041	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 97

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
	Brust 0.0077	0.0075	1.0208 0.9796
	Duenndarm 0.0061	0.0331	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0030	0.0390	0.0768 13.0292
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0044	0.0154	0.2880 3.4724
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0970	0.0980 10.1999
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0789	0.0532	1.4850 0.6734
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0077	3.7816 0.2644
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0027	0.0205	0.1322 7.5658
	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis 0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata 0.0153	0.0021	7.1654 0.1396
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0445		
30	Sinnesorgane 0.1411		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.1917		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0340		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0047		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0056	0.2268 4.4083
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0051		
	Endokrines_Gewebe 0.0735		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0090	0.0056	1.5879 0.6298
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377 0.4907
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0015	0.0041	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0060	1.7133 0.5837
20	Niere 0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824 1.4654
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0424		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0204		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0134		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0100		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0077		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0312	0.0179	1.7434 0.5736
		Brust 0.0205	0.0244	0.8376 1.1939
		Duenndarm 0.0675	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0060	0.0442	0.1354 7.3832
10		Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377 0.4907
		Gastrointestinal 0.0862	0.0463	1.8638 0.5365
		Gehirn 0.0067	0.0133	0.4984 2.0063
		Haematopoetisch 0.0120	0.0000	undef 0.0000
		Haut 0.0477	0.0000	undef 0.0000
		Hepatisch 0.0143	0.0388	0.3676 2.7200
15		Herz 0.0212	0.0412	0.5140 1.9456
		Hoden 0.0230	0.0234	0.9839 1.0163
		Lunge 0.0374	0.0450	0.8313 1.2029
		Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0000	undef 0.0000
		Muskel-Skelett 0.0137	0.0600	0.2284 4.3775
20		Niere 0.0054	0.0274	0.1983 5.0439
		Pankreas 0.0066	0.0442	0.1496 6.6857
		Penis 0.0449	0.0267	1.6847 0.5936
		Prostata 0.0240	0.0234	1.0236 0.9769
		Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25		Uterus_Myometrium 0.0229	0.0136	1.6834 0.5940
		Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef 0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0384		
		Prostata-Hyperplasie 0.0238		
		Samenblase 0.0534		
30		Sinnesorgane 0.0235		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0303		
		Zervix 0.0319		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0278		
		Gastrointestinal 0.0028		
		Gehirn 0.0000		
40		Haematopoetisch 0.0000		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
		Herz-Blutgefaesse 0.0213		
		Lunge 0.0072		
45		Nebenniere 0.0000		
		Niere 0.0000		
		Placenta 0.0182		
		prostata 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
		Brust 0.0000		
55		Eierstock_n 0.0000		
		Eierstock_t 0.0304		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0064		
		Gastrointestinal 0.0122		
60		Haematopoetisch 0.0000		
		Haut-Muskel 0.0227		
		Hoden 0.0309		
		Lunge 0.0164		
		Nerven 0.0020		
65		Prostata 0.0137		
		Sinnesorgane 0.0000		
		Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0077	0.5085 1.9666
	Brust 0.0000	0.0188	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0245	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0442	0.2709 3.6916
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0134	0.0185	0.7248 1.3797
	Gehirn 0.0007	0.0072	0.1029 9.7228
	Haematopoetisch 0.0321	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0478	0.0450	1.0623 0.9414
	Magen-Speiseroehre 0.0676	0.0690	0.9804 1.0200
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0116	0.0055	2.0940 0.4775
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0128	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1101		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointenstinal 0.0139		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefasse 0.0036		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0029		
	Gastrointestinal 0.0366		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0234	0.0588	0.3979 2.5129
	Brust 0.0179	0.0507	0.3529 2.8339
	Duenndarm 0.0245	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0180	0.0546	0.3289 3.0402
10	Endokrines_Gewebe 0.0324	0.0251	1.2906 0.7749
	Gastrointestinal 0.0364	0.0786	0.4629 2.1603
	Gehirn 0.0067	0.0216	0.3086 3.2409
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0323	0.1471 6.7999
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839 1.0163
	Lunge 0.0270	0.0225	1.2008 0.8328
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0383	0.7563 1.3222
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere 0.0326	0.0616	0.5287 1.8915
	Pankreas 0.0132	0.0607	0.2176 4.5964
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0458	0.0617	0.7412 1.3491
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrisch 0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0352		
	Prostata-Hyperplasie 0.0476		
	Samenblase 0.0356		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0167		
	Gehirn 0.0125		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0325		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0303		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0136		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0253		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0169		
60	Gastrointestinal 0.0488		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0231		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0100		
65	Prostata 0.0205		
	Sinnesorgane 0.0077		
	Uterus_n 0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0351	0.0256	1.3729 0.7284
	Brust 0.0077	0.0094	0.8166 1.2245
	Duenndarm 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0211	0.0463	0.4556 2.1950
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0125	0.0204	0.6096 1.6403
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0307	0.9454 1.0578
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0244	0.0068	3.5687 0.2802
	Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983 1.6714
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0170	0.6398 1.5631
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
	Samenblase 0.0178		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0056		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0242		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0272		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0410		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0137		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
		Brust 0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
		Duendarm 0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
		Eierstock 0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
10		Endokrines_Gewebe 0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
		Gastrointestinal 0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
		Gehirn 0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
		Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0330	0.0000	undef	0.0000
15		Hepatisch 0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
		Herz 0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
		Hoden 0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
		Lunge 0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
		Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
20		Muskel-Skelett 0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
		Niere 0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
		Pankreas 0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
		Penis 0.0419	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
25		Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
		Uterus_Myometrium 0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
		Uterus_allgemein 0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
		Brust-Hyperplasie 0.0608			
		Prostata-Hyperplasie 0.0476			
		Samenblase 0.0623			
30		Sinnesorgane 0.0235			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
		Zervix 0.0213			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0278			
		Gastrointestinal 0.0500			
		Gehirn 0.0876			
40		Haematopoetisch 0.0039			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefaesse 0.0142			
		Lunge 0.0434			
45		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0556			
		Placenta 0.0364			
		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.1130			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
		Brust 0.0000			
55		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0101			
		Endokrines_Gewebe 0.0490			
		Foetal 0.0047			
60		Gastrointestinal 0.0488			
		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0356			
		Hoden 0.0154			
		Lunge 0.0410			
		Nerven 0.0402			
65		Prostata 0.0205			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0639	0.3051 3.2777
	Brust 0.0333	0.0470	0.7077 1.4129
	Duenndarm 0.0399	0.1819	0.2191 4.5647
	Eierstock 0.0150	0.0702	0.2132 4.6905
10	Endokrines_Gewebe 0.0238	0.0903	0.2642 3.7857
	Gastrointestinal 0.0900	0.1110	0.8111 1.2329
	Gehirn 0.0067	0.0267	0.2492 4.0126
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0587	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0323	0.4412 2.2666
	Herz 0.0011	0.0962	0.0110 90.7941
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0062	0.0184	0.3387 2.9526
	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.3527	0.1370 7.2985
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0360	0.0000 undef
20	Niere 0.0733	0.1575	0.4655 2.1483
	Pankreas 0.0694	0.0276	2.5128 0.3980
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685 5.9357
	Prostata 0.0109	0.0255	0.4265 2.3446
25	Uterus_Endometrium 0.0270	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0272	0.2806 3.5642
	Uterus_allgemein 0.0000	0.4771	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0576		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.1068		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0319		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0111		
	Gehirn 0.0813		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0145		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0309		
	Placenta 0.0121		
	Prostata 0.0249		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0136		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0122		
60	Gastrointestinal 0.4149		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0573		
	Nerven 0.0040		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0204	0.3814 2.6222
	Brust 0.0102	0.0132	0.7777 1.2858
	Duenndarm 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0075	1.5849 0.6309
	Gastrointestinal 0.0307	0.0093	3.3134 0.3018
	Gehirn 0.0111	0.0144	0.7714 1.2964
	Haematopoetisch 0.0094	0.0379	0.2470 4.0483
	Haut 0.0441	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0170	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0229	0.0245	0.9314 1.0737
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0120	0.2856 3.5020
	Niere 0.0190	0.0205	0.9252 1.0808
	Pankreas 0.0083	0.0110	0.7479 1.3371
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium 0.0405	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0272	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0191		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0278		
	Gastrointenstinal 0.0083		
	Gehirn 0.0188		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0107		
	Lunge 0.0072		
45	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0185		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0041		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0131		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0051	0.0132	0.3889 2.5715
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0125	0.2717 3.6805
	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0037	0.0062	0.6000 1.6668
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0093	0.0123	0.7621 1.3122
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2991 3.3428
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0392	0.0213	1.8425 0.5427
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0056		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0072		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0247		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0105		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0285		
	Haut-Muskel 0.0324		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0246		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0410		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0167		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust 0.0166	0.0282	0.5898	1.6955
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
10	Endokrines_Gewebe 0.0392	0.0527	0.7439	1.3442
	Gastrointestinal 0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz 0.0064	0.0687	0.0925	10.8088
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0239	0.0470	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0182	0.0110	1.6453	0.6078
	Penis 0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0305	0.0106	2.8662	0.3489
25	Uterus_Endometrium 0.0203	0.1055	0.1920	5.2070
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0352			
	Prostata-Hyperplasie 0.0446			
	Samenblase 0.0267			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0147			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0222			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0197			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0178			
	Lunge 0.0145			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0185			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust 0.0068			
	Eierstock_n 0.1595			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0408			
60	Gastrointestinal 0.0366			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0259			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0410			
	Nerven 0.0151			
65	Prostata 0.0342			
	Sinnesorgane 0.0155			
	Uterus_n 0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0460	0.2542 3.9333
	Brust 0.0192	0.0376	0.5104 1.9593
	Duenndarm 0.0000	0.0496	0.0000 undef
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0062	0.0102	0.6096 1.6403
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0271	0.0137	1.9826 0.5044
	Pankreas 0.0132	0.0221	0.5983 1.6714
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata 0.0240	0.0298	0.8043 1.2434
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0352		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0408		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0608		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0122		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0246		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0205		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust 0.0051	0.0207	0.2475 4.0410
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0338	0.0886 11.2920
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0025	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0038	0.0185	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0022	0.0092	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0847	0.0433 23.0839
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0053	0.0275	0.1927 5.1882
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0042	0.0041	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0109	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0044	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0178		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0213		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0249		
50	Sinnesorgane 0.0251		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0354		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0035		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0155		
	Uterus_n 0.0375		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0409	0.2860 3.4963
	Brust 0.0256	0.0376	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0399	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0390	0.2303 4.3431
10	Endokrines_Gewebe 0.0477	0.0702	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0479	0.0231	2.0708 0.4829
	Gehirn 0.0229	0.0349	0.6564 1.5234
	Haematopoetisch 0.0281	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0624	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0259	0.1838 5.4400
	Herz 0.0519	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0230	0.0468	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0270	0.0491	0.5504 1.8170
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0230	1.6807 0.5950
20	Muskel-Skelett 0.0377	0.0840	0.4487 2.2286
	Niere 0.0462	0.0411	1.1235 0.8901
	Pankreas 0.0116	0.0276	0.4188 2.3877
	Penis 0.0150	0.0533	0.2808 3.5614
	Prostata 0.0283	0.0490	0.5786 1.7284
25	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0528	1.0243 0.9763
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0272	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0386		
	Samenblase 0.0267		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0312		
	Zervix 0.0213		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointenstinal 0.0611		
40	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0157		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0320		
	Lunge 0.0397		
45	Nebenniere 0.0507		
	Niere 0.0247		
	Placenta 0.0303		
	Prostata 0.1247		
50	Sinnesorgane 0.0377		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.1595		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0029		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0050		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0702	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0192	0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0052	0.0020	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0230	0.8404 1.1900
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0065	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0047		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0167		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefaesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0078	0.0128	0.6102 1.6389
		Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
		Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10		Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
		Gastrointestinal 0.0517	0.0879	0.5886 1.6991
		Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
		Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
		Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15		Hepatisch 0.0381	0.0518	0.7353 1.3600
		Herz 0.0000	0.0000	undef undef
		Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
		Lunge 0.0010	0.0164	0.0635 15.7470
		Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0230	1.2605 0.7933
20		Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
		Niere 0.0000	0.0000	undef undef
		Pankreas 0.0033	0.0110	0.2991 3.3428
		Penis 0.0000	0.0000	undef undef
		Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
		Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
		Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0000		
		Prostata-Hyperplasie 0.0000		
		Samenblase 0.0000		
30		Sinnesorgane 0.0000		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
		Zervix 0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointestinal 0.0000		
		Gehirn 0.0000		
40		Haematopoetisch 0.0000		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
		Herz-Blutgefaesse 0.0000		
		Lunge 0.0000		
45		Nebenniere 0.0000		
		Niere 0.0000		
		Placenta 0.0000		
		Prostata 0.0000		
50		Sinnesorgane 0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
55		Brust 0.0000		
		Eierstock_n 0.0000		
		Eierstock_t 0.0051		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0000		
60		Gastrointestinal 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0000		
		Haut-Muskel 0.0000		
		Hoden 0.0000		
		Lunge 0.0000		
		Nerven 0.0000		
65		Prostata 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0000		
		Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0056	0.2268 4.4083
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0022	0.0031	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0249		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0155		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0153	0.7627 1.3111
	Brust 0.0026	0.0132	0.1944 5.1431
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0030	0.0062	0.4800 2.0835
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.1760	0.0518	3.4008 0.2941
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0010	0.0082	0.1270 7.8735
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0188	0.0060	3.1411 0.3184
	Niere 0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0174	0.0277	0.6299 1.5875
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0203		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0035		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.1053	0.1125	0.9361 1.0683
	Brust 0.1164	0.1015	1.1468 0.8720
	Duenndarm 0.0491	0.0662	0.7415 1.3487
	Eierstock 0.0479	0.1015	0.4723 2.1173
10	Endokrines_Gewebe 0.0562	0.0251	2.2415 0.4461
	Gastrointestinal 0.1015	0.1758	0.5777 1.7311
	Gehirn 0.0296	0.1273	0.2322 4.3058
	Haematopoetisch 0.0535	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.2166	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0809	0.1035	0.7813 1.2800
	Herz 0.4133	0.2612	1.5825 0.6319
	Hoden 0.0748	0.0468	1.5989 0.6254
	Lunge 0.1506	0.1227	1.2278 0.8145
	Magen-Speiseroehre 0.2126	0.1073	1.9808 0.5048
20	Muskel-Skelett 0.0805	0.1680	0.4793 2.0863
	Niere 0.0543	0.0890	0.6100 1.6393
	Pankreas 0.0562	0.1712	0.3281 3.0479
	Penis 0.1497	0.2399	0.6240 1.6026
	Prostata 0.0850	0.0362	2.3483 0.4258
25	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0457	0.1019	0.4489 2.2276
	Uterus_allgemein 0.0560	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0991		
	Prostata-Hyperplasie 0.0832		
	Samenblase 0.0801		
30	Sinnesorgane 0.1059		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0720		
	Zervix 0.0639		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0835		
	Gastrointenstinal 0.0361		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0433		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0961		
	Lunge 0.0867		
45	Nebenniere 0.0761		
	Niere 0.0309		
	Placenta 0.1151		
	Prostata 0.5984		
50	Sinnesorgane 0.0251		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0544		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0466		
60	Gastrointestinal 0.0610		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0421		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.1474		
	Nerven 0.0110		
65	Prostata 0.0205		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0075	0.2264 4.4166
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn 0.0030	0.0021	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere 0.0027	0.0205	0.1322 7.5658
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0182		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0134		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0030		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0125		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 258

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Brust	0.0018	0.0014	1.2524 0.7985
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm	0.0027	0.0213	0.1288 7.7625
	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605 0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786 1.4737
	Lunge	0.0029	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000 undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0040		
	Penis	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
40	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
45	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0035		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0194		
60	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0098		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0030		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0000		
	Prostata_n	0.0121		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 259

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0117	0.0023	4.9785 0.2009
	Brust 0.0070	0.0014	5.0097 0.1996
	Dickdarm 0.0000	0.0057	0.0000 undef
10	Duenndarm 0.0082	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0119	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0089	0.3621 2.7613
	Gehirn 0.0006	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0145	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0037	0.0000 undef
	Niere 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom 0.0025	0.0075	0.3381 2.9576
25	Uterus 0.0059	0.0138	0.4284 2.3344
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0027		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0141		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0061		
45	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
55	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0070		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
60	Hoden_n 0.0084		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0195		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0000		
	Prostata_n 0.0061		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 260

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef	
	Brust	0.0062	0.0000	undef	0.0000	
	Dickdarm	0.0019	0.0085	0.2243	4.4591	
10	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Eierstock	0.0000	0.0525	0.0000	undef	
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091	
	Gehirn	0.0023	0.0020	1.1605	0.8617	
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef	
	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge	0.0088	0.0037	2.3680	0.4223	
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607	
	T_Lymphom	0.0051	0.0224	0.2254	4.4364	
25	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0304	0.0902	11.0896	
30	Haematopoetisch	0.0013				
	Penis	0.0000				
	Samenblase	0.0070				
	Sinnesorgane	0.0000				
			FOETUS			
			%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut	0.0000				
40	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefaesse	0.0107				
	Lunge	0.0036				
	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.0062				
45	Placenta	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0251				
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
			%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000				
	Brust_t	0.0000				
	Dickdarm_t	0.0000				
	Eierstock_n	0.0000				
55	Eierstock_t	0.0000				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0098				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
60	Haut-Muskel	0.0065				
	Hoden_n	0.0000				
	Hoden_t	0.0000				
	Lunge_n	0.0000				
	Lunge_t	0.0000				
	Nerven	0.0060				
65	Niere_t	0.0000				
	Ovar_Uterus	0.0113				
	Prostata_n	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 261

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262 1.5969
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef undef
10	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0191	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus	0.0015	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0013		
	Penis	0.0000		
	Samenblase	0.0070		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0188		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0023		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0000		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0023		
	Prostata_n	0.0061		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 262

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0156	0.0023	6.6380 0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179 0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456 0.7432
10	Duenndarm	0.0110	0.0320	0.3435 2.9109
	Eierstock	0.0178	0.0334	0.5333 1.8752
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0213	0.3018 3.3136
	Gehirn	0.0081	0.0060	1.3539 0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0139	0.0190	0.7324 1.3653
	Herz	0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786 1.4737
	Lunge	0.0175	0.0129	1.3531 0.7390
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Muskel_Skelett	0.0017	0.0111	0.1546 6.4671
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642 2.1540
	Pankreas	0.0132	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0104	0.0091	1.1370 0.8795
	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762 1.4788
	Uterus	0.0192	0.0230	0.8353 1.1971
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803 5.5448
	Haematopoetisch	0.0067		
	Penis	0.0080		
	Samenblase	0.0070		
	Sinnesorgane	0.0118		
30			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0275		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0142		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0251		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0203		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0162		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0454		
60	Hoden_n	0.0125		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0100		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0293		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 263

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0136	0.9198 1.0872
	Blase	0.0039	0.0188	0.2075 4.8204
	Brust	0.0114	0.0281	0.4070 2.4568
	Dickdarm	0.0211	0.0142	1.4801 0.6756
	Duenndarm	0.0082	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0286	0.3111 3.2147
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0151	1.0599 0.9435
	Gehirn	0.0211	0.0110	1.9234 0.5199
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662 2.7307
	Herz	0.0162	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0080	0.0178	0.4523 2.2108
	Lunge	0.0136	0.0111	1.2278 0.8145
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0128	0.5666 1.7648
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0185	1.0206 0.9799
	Niere	0.0157	0.0145	1.0831 0.9232
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739 2.6743
	Prostata	0.0123	0.0039	3.1352 0.3190
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000 undef
25	Uterus	0.0077	0.0230	0.3368 2.9694
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0094		
	Penis	0.0107		
	Samenblase	0.0070		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0111		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0107		
	Lunge	0.0072		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0203		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0069		
	Gastrointestinal	0.0488		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0032		
60	Hoden_n	0.0167		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0195		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0060		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0158		
	Prostata_n	0.0061		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 264

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0136	1.1037 0.9060
	Blase	0.0273	0.0211	1.2907 0.7748
	Brust	0.0229	0.0632	0.3618 2.7639
	Dickdarm	0.0268	0.0256	1.0466 0.9555
10	Duenndarm	0.0192	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0089	0.0501	0.1778 5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0142	1.3580 0.7364
	Gehirn	0.0041	0.0160	0.2539 3.9391
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0465	0.0254	1.8311 0.5461
	Herz	0.0091	0.0412	0.2215 4.5144
	Hoden	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0204	0.0185	1.1050 0.9049
20	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0384	0.7557 1.3233
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0185	0.3711 2.6946
	Niere	0.0537	0.0289	1.8570 0.5385
	Pankreas	0.0380	0.0110	3.4403 0.2907
	Prostata	0.0330	0.0130	2.5323 0.3949
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762 1.4788
25	Uterus	0.0148	0.0138	1.0709 0.9338
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0147		
	Penis	0.0054		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0235		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
			Entwicklung	0.0000
35	Gastrointenstinal	0.0083		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0249		
45	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0204		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0017		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
60	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0040		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0090		
	Prostata_n	0.0121		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 265

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0272	0.0000 undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785 0.2009
	Brust	0.0141	0.0155	0.9109 1.0979
	Dickdarm	0.0920	0.0968	0.9498 1.0528
	Duenndarm	0.0247	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0882	0.2354 4.2478
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0444	0.0000 undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909 0.6707
	Magen-Speiseroehre	0.0362	0.0128	2.8338 0.3529
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef
	Prostata	0.0207	0.0352	0.5895 1.6963
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0027		
	Penis	0.0000		
	Samenblase	0.0915		
	Sinnesorgane	0.0118		
30			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0278		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0108		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0000		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden_n	0.0084
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0293
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0113
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 266

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0114	0.0000	undef 0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0525	0.1131 8.8401
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0035	4.5268 0.2209
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0071	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3155 0.7601
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0470	0.0048	9.7491 0.1026
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638 1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		
	Penis	0.0080		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0068		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
60	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0020		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0023		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 267

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000 undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786 0.5323
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0029	0.0010	2.9013 0.3447
	Haut	0.0000	0.0394	0.0000 undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		
	Penis	0.0054		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
45	Prostata	0.0499		
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0035		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
60	Hoden_n	0.0042		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0010		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0023		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 268

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust	0.0088	0.0253	0.3479	2.8744
	Dickdarm	0.0192	0.0028	6.7278	0.1486
	Duenndarm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0035	5.4321	0.1841
	Gehirn	0.0081	0.0249	0.3249	3.0774
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0126	0.0037	3.4204	0.2924
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0104	0.0052	1.9897	0.5026
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0092	1.7670	0.5659
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
40	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
50	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
55	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
60	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0243			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 269

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190 0.3013
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359 0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820 0.5945
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock	0.0030	0.0191	0.1555 6.4291
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0018	3.6214 0.2761
	Gehirn	0.0058	0.0060	0.9671 1.0340
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000 undef
	Herz	0.0091	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417 0.5430
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0111	0.3093 3.2335
	Niere	0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479 1.3371
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823 2.0732
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819 2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0027		
	Penis	0.0188		
	Samenblase	0.0141		
	Sinnesorgane	0.0118		
30			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
			Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0107		
	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0152		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0006		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0032		
60	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0020		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0068		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0077		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 270

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190 0.3013
	Brust	0.0167	0.0197	0.8499 1.1767
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378 0.6503
10	Duenndarm	0.0082	0.0213	0.3865 2.5875
	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778 5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0321	0.0248	1.2934 0.7732
	Gehirn	0.0365	0.0170	2.1504 0.4650
	Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000 undef
	Herz	0.0426	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571 0.7369
	Lunge	0.0272	0.0222	1.2278 0.8144
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555 0.5389
	Niere	0.0246	0.0145	1.7022 0.5875
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494 0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630 3.8026
25	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703 0.3891
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0147		
	Penis	0.0188		
	Samenblase	0.0281		
	Sinnesorgane	0.0000		
30			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
			Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0167		
			Gehirn	0.0188
			Haematopoetisch	0.0079
			Haut	0.0000
			Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0356		
			Lunge	0.0108
			Nebenniere	0.0254
			Niere	0.0124
			Placenta	0.0182
			Prostata	0.0249
45	Sinnesorgane	0.0000		
				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
				%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0110		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0227		
60	Hoden_n	0.0125		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0195		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0281		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0068		
	Prostata_n	0.0061		
	Sinnesorgane	0.0232		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 271

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0407	0.3066 3.2617
	Blase	0.0117	0.0164	0.7112 1.4061
	Brust	0.0123	0.0098	1.2524 0.7985
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092 0.9909
	Duenndarm	0.0165	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074 4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0195	0.4938 2.0250
	Gehirn	0.0122	0.0070	1.7408 0.5745
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0071	0.0137	0.5169 1.9347
	Hoden	0.0201	0.0059	3.3928 0.2947
	Lunge	0.0117	0.0148	0.7893 1.2669
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0320	0.2267 4.4110
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642 2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata	0.0066	0.0117	0.5627 1.7770
	T_Lymphom	0.0126	0.0149	0.8453 1.1830
	Uterus	0.0059	0.0322	0.1836 5.4469
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0304	0.2029 4.9287
	Haematopoetisch	0.0107		
	Penis	0.0000		
	Samenblase	0.0141		
	Sinnesorgane	0.0235		
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0111		
	Gehirn	0.0250		
	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0071		
	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0152		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0220		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0421		
60	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0211		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0248		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0232		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 272

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840 5.4361
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319 3.0130
	Brust	0.0246	0.0070	3.5068 0.2852
	Dickdarm	0.0287	0.0399	0.7208 1.3873
10	Duenndarm	0.0082	0.0426	0.1932 5.1750
	Eierstock	0.0148	0.0381	0.3889 2.5717
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0266	0.6036 1.6568
	Gehirn	0.0220	0.0130	1.6961 0.5896
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000 undef
	Herz	0.0132	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0214	0.0129	1.6538 0.6047
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0134	0.0193	0.6964 1.4360
	Pankreas	0.0264	0.0276	0.9573 1.0446
25	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235 1.3821
	T_Lymphom	0.0227	0.0373	0.6086 1.6431
	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284 2.3344
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0607	0.1353 7.3931
	Haematopoetisch	0.0053		
	Penis	0.0161		
	Samenblase	0.0141		
	Sinnesorgane	0.0000		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278		
	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0375		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0142		
45	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0499		
	Sinnesorgane	0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0052		
60	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden_n	0.0000		
65	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0195		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0121		
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0000		
	Prostata_n	0.0061		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 273

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0188	0.4149	2.4104
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
10	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0215	0.1383	7.2328
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0053	1.5089	0.6627
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0355	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0111	0.3508	2.8506
20	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0128	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0074	1.6236	0.6159
	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0085	0.0065	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0303	0.0149	2.0287	0.4929
	Uterus	0.0133	0.0092	1.4458	0.6917
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0205	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30			FOETUS %Haeufigkeit		
			Entwicklung	0.0000	
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0213			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust	0.0068	
	Brust_t	0.0000	
	Dickdarm_t	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0152	
55	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0023	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
60	Hoden_n	0.0000	
	Hoden_t	0.0000	
	Lunge_n	0.0098	
	Lunge_t	0.0000	
	Nerven	0.0060	
65	Niere_t	0.0000	
	Ovar_Uterus	0.0090	
	Prostata_n	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	

2.2 Fisher-Test

- Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
- Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

20 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

- Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:
1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

35 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

50 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

5
10 **Beispiel 4**
Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.
Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der 15
20
25
30
35 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
- 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
- 15 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
- Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs			
4	195/N/3	206/P/3	384/I/3	323/G/9
5	222/B/10	404/E/10	526/F/20	565/P/11 279/F/14
9	501/L/21			
11	490/P/4	321/I/23	410/F/5	443/N/20
19	311/A/19	505/F/17	216/D/8	219/C/22
29	382/N/10	539/L/7		
31	530/D/11			
35	503/N/10			
37	547/D/16	215/P/16	439/K/6	
39	216/L/9	512/F/5	203/J/15	
45	205/K/7	250/H/22	283/C/17	528/B/20 402/L/11
80	371/A/20	470/L/3	495/L/3	
92	254/M/9	376/O/12	421/L/18	429/J/19
112	243/O/14	520/K/15	565/J/17	565/J/24

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
1	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		1p31.1-p34.1	SHGC-2542; 2540; 2456; D1S448- D1S500;; WI-6555; D1S198-D1S462
2	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		2p22.3-p23.3	SGC32173; D2S174-D2S390;; TIGR- A006H24:D2S392-D2S390
3	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		4p15.1	WI-T5951 (D4S1043-SHGC-16179)
4	in Ovariumgewebe überexprimiert	P521PK		11q13.5 - q14.1	SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681)
5	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		1q22	SHGC-31641
6	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		13q33.1 - q34	AFM310yd5
7	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		8q11.23-q12.1	SHGC-32002; D8S1828-D8S507
8	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		4q24	SHGC-36699
9	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	2q35	SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278)
10	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt	PHD		
12	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	AFM200ya9=D5S414
13	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		3p23	WI-6841; D3S1599; D3S1583
15	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		6q22.1-q24.3	SHGC-33316; D6S453-D6S311
16	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	10p15.3	CDa1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC- 11812; D10S558-D10S591
18	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt	Ribosomal_L24e	15q21.3-q22.1	Cda17g12; D15S209-D15S198
19	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3	SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887)

Seq ID No.	Expression in Ovariumgewebe	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
20	überexprimiert	unbekannt		3q22.2-3q22.3	SHGC-34629 (SHGC-30855, SHG32794)
21	in Ovariumgewebe	unbekannt		3q26.33-q29	AFM308yf1 (D3S2363, D3S3669)
22	überexprimiert	unbekannt		7q11.23	SHGC-37054
23	in Ovariumgewebe	unbekannt			
24	überexprimiert	unbekannt		4q28.1-q31.1	WI-30941;SGC30941; D4S1580-D4S427
25	in Ovariumgewebe	Branchio-oto-renal syndrome candidate gene	NLS_BP	7q32.3-q33	AFMc024we9
26	überexprimiert	unbekannt		17q23.3	SHGC-64257
27	in Ovariumgewebe	unbekannt		17p12-p13.2	SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC- 35513)
28	überexprimiert	unbekannt		10q22.3	Cda0wf11, TIGR-A001X23,D10S607- D10S201
29	in Ovariumgewebe	unbekannt		11q13.2-q13.5	WI-14303; D11S4136-D11S1314;; TIGR- A005U01; D11S913- D11S1314(RH);SHGC-14407
30	überexprimiert	unbekannt		7p21.3	SHGC-14339
31	in Ovariumgewebe	unbekannt		12p12.3	AFMb320va9
32	überexprimiert	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain		1q41	SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568)
33	in Ovariumgewebe	Partiel Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	Thymosin	11q23.3	WI-19895; D11S924-D11S925
34	überexprimiert	Partiel homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	GSHPx	5q33.1	SHGC-10972
35	in Ovariumgewebe	Partiel Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA		19q13.13 - q13.2	AFMb018wh1

Seq ID	Expression No.	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
36	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus formin binding protein 2_1	WW_fsp5_WWP	2p13.1- p16.1;RH: 2p13.1-p13.3	stSG31094; D2S292-D2S145
38	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein			
39	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725		19q12	AFM205y10 (D19S1080, D19S590)
40	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p	Sec1	17	
41	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu PEC- 60=gastrointestinal peptide, swine kazai			
42	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein	8p22-p23.3		BDa16f11; D8S549-D8S1733 bzw.S280
43	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse mitochondrial genome; Unidentified reading frame	oxidored_q1_N		
44	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)		1p36.31-p36.13	SHGC-11461 (D1S2565, SGC32561)
45	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus Tera		12p11.21- p11.23	SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805)
46	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7		19q13.33-qter	SHGC-30173; D19S418-qTEL
47	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	PRO_RICH	2p11.1-p11.2	D2S388-D2S2181
48	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	UPF0005	10q23.1	SHGC-167+SHGC-11466; D10S551- D10S532
49	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	PRO_RICH	Xq22.3-Xq25	stSG2963; DXS1059-DXS1047

Seq ID Expression No.	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
50 in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C40H1	1q22		WI-7-155
51 in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans cosmid K02D10	7p11.2-p12.3	Cda1bc08;D7S506;D7S499;; SHGC-17265+11581;D7S499-D7S2429	
52 in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	3q26.1	SHGC-9372	
53 in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu B. taurus mRNA for B15 subunit of NADH:ubiquinone oxidoreductase complex	3q13.12-q13.2	D3S1310-D3S1575	
54 in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Aplysia californica vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein aber anders	20q13.33	SHGC-11512	
55 in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Aplysia californica vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein	PRO_RICH; MSP_DOMAIN	15q25.3- 15q26.1	SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178)
56 in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog des R. norvegicus intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	PRO_RICH	1p32.2-p31.2	SGC3409
57 in Ovariumgewebe überexprimiert	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	rrm; PRO_RICH	10q21.1-q22.1	WI-11265; D10S581-D10S210
58 in Ovariumgewebe überexprimiert	dppB-like protein	CSD; PRO_RICH	15q25.3- 15q26.1	AFM282wg5=D15S202 (D15S1046;D15S1187)
59 in Ovariumgewebe überexprimiert	Tyrosine 3-monoxygenase/tryptophan 5-monoxygenase activation protein	PRO_RICH	2p25.2-p25.1	
63 in Ovariumgewebe überexprimiert	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	trypsin	7q35	SHGC-16894
65 in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Annexin IV	annexin	2p13.1-p16.1	SHGC-9858
67 in Ovariumgewebe überexprimiert	Human X2 box repressor		16q12.1-q22.1	WI-6174; D16S408- D16S3089;;Cda01g10; D16S419- D16S415

Seq ID	Expression No.	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
68	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human transcriptional coactivator PC4		5p15.1	SGC32812; D5S477-D5S651
69	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human tetraricopeptide repeat protein		5q33.2-q33.3	TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422
70	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human tax1-binding protein TXBP151		7p14.1-p21.3	SGC31789; D7S516-D7S632
72	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human prothymosin alpha			
73	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human profilin		17p13.3	
74	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human pepsinogen C	asp	6p21.1	SGC35331; D6S426-D6S271
76	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human osteopontin	Osteopontin	4q13.3-q22.1	SHGC-9669; D4S1542-D4S1544
78	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human non-histone chromosomal protein	HMG14_17	21q22.3	
79	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	thioredoxin	2p23.3-p24.1	SGC31703; D2S287-D2S131;; s1SG1958; D2S162-D2S287
80	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0332		3p21.1	SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985)
81	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0078	PRO_RICH		SHGC-9647; D7S651-D7S477;; Wi- 14191; D8S289-D8S1789 +2 weitere auf Chr.8
82	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human mRNA for 90-kDa heat- shock protein	HSP90	4, 11, 1, 6	SHGC-11305
83	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human major nuclear matrix protein	RBD; ZF_MATRIN	5q31.1	SHGC-3183
84	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human Ku (p70/p80) subunit		2q34-q35	SHGC-11966; D2S2382-D2S164;; Wi- 8140; D2S143-D2S164
85	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human interferon-induced 17- kDa/15-kDa protein	ubiquitin	1p36.31-p36.32	
86	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	HSP70	11q23.3-q25	D20S113-D20S97
88	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)		19p13.13	SHGC-32638; D19S899-D19S407

Seq ID	Expression No.	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
89	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)		17p11.2	SHGC-9883
90	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human enhancer of rudimentary homolog	ER	14q22.3-q24.2	WI-8921; D14S63-D14S251
91	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)		7q21.3-q22.1	D5S1977-D5S428 (Hs.85215)
92	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human decay-accelerating factor mRNA		1q32.2	SHGC-11228
93	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human chromosome segregation gene homolog CAS	IBN_NT	20q13	
94	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	thyroglobulin_1	2p15-p21	AA113218; D2S119-D2S337
95	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human calmodulin	EF_HAND_2	2p16.3-p21	WI-9106; D2S391-D2S123
96	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human Bax alpha	Bcl-2	19q13.3-q13.4	
97	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human antileukoprotease (ALP)	wap	20q13.13-q13.2	WI-6969 (D20S880, SGCC34003)
98	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	3Beta_HSD	1p36.11	SHGC-11459 (RH420-D1S3295)
99	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein		4q31.1	SHGC4-275
100	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Gal-bind_lectin	14q12-q22.3	D14S276-D14S66
101	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR d-7)	7Im_1: G_PROTEIN_RECEP OR_2: PRO_RICH	12q14.2-q14.3	SHGC-33073
102	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	Kunitz_BPT;	19q13.2	TIGR-A007F08; D19S421-D19S408
103	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens ncPE-R mRNA for CPE-receptor	PRO_RICH	7q11.23	
105	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	Kunitz_BPT	21q21.2-q22.11	WI-8962; D21S265-D21S260
106	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens CD24 signal transducer		6p21	AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC-32498

Seq ID	Expression No.	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
107	In Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)	histone; Archae histone	1q31.1	SHGC-58249(D1S2602;WI-2775,WI-7265)
108	In Ovariumgewebe überexprimiert	Histone H2B		6p21.2-p21.31	WI-11733; D6S276-D6S439
110	In Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	sushi	1q32.1-q32.2	SHGC-12033; D1S456-D1S2891
111	In Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens TROP-2 gene	thyroglobulin_1	1p32.2-p32.3	SHGC-12661; D1S476-D1S220
112	In Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Ichn protein		11q14.1	SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGCG31540; D11D911-D11S1352
113	In Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for BiP protein	HSP70; PRO_RICH	9q33.3-q34.11	WI-6005; D9S282-D9S260
114	In Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	wap	20q13.2-q13.13	SGC30446; D20S119-D20S197;;WI-30446
115	In Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	lipocalin	9q34	
116	In Ovariumgewebe überexprimiert	H. sapiens mRNA for Sm protein G		18q21.1	SHGC-8871 (D18S484;D18S851)
117	In Ovariumgewebe überexprimiert	H. sapiens for glutathione peroxidase-Gl	NLS_BP; GSHPx	14q24.1	
120	In Ovariumgewebe überexprimiert	CDDC28 protein kinase 2	CKS	9q21.31-q22.1	SHGC-11955; D9S1812-D9S283;; SGCG31294; D9S153-D9S264
121	In Ovariumgewebe überexprimiert	B-factor, progerdin	VWA_DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin annexin	DXS255-DXS426	
122	In Ovariumgewebe überexprimiert	Annexin II		15q22.1-q22.31	WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159
123	In Ovariumgewebe überexprimiert	ADP-ribosylation factor like 1	arf	12q22-q23.1	SHGC-12629; D12S1727-D12S78;; WI-7420; D12S346-D12S78
258	In Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 2			
259	In Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 3			

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
260	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 4			
261	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 10			
262	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 18			
263	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
264	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 26			
265	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 30			
266	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 34			
267	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 42			
268	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 46			
269	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 47			
270	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 48			
271	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 50			
272	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 52			
273	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			

TABELLE II

Seq ID No.	ORF Seq ID No.					
	124	125	126	127	128	129
1	124	125	126	127	128	129
2	130	131				
3	132					
4	133	134				
5	135					
6	136	137				
7	138	139				
8	140	141				
9	142	143				
10	144	145				
12	148	149				
13	150	151	152	153		
15	155	156	157			
16	158	159	160			
18	163	164				
19	165					
20	166	167				
21	168	169				
22	170	171	172			
23	173	174				
24	175	176				
25	177	178				
26	179					
27	180	181				
28	182	183	184			
29	185	186				
30	187	188				
31	189	190	191			
32	192	193	194	195	196	
33	197	198	199			
34	200	201				
35	202	203	204			
36	205	206	207	208		
38	210	211				
39	212	213	214	215		
40	216					
41	217	218				
42	219	220	221			
43	222	223	224	225		
44	226	227				
45	228	229	230	231	232	
46	233	234	235			
47	236	237	238			
48	239	240				
49	241	242				
50	243	244	245			
51	306	307				
52	246					
53	247	248	249			
54	250	251				

Seq ID No.	ORF Seq ID No.		
55	252	253	254
56	255	256	
57	257		
258	274	275	
259	276	277	
260	278	279	
261	280	281	
262	282	283	
263	284	285	
264	286	287	
265	288	289	
266	290	291	
267	292	293	
268	294	295	
269	296	297	
270	298	299	
271	300	301	
272	302	303	
273	304	305	

Die erforderlichen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.
5

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

5 (i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovariumorgewebe

20 (iii) Anzahl der Sequenzen: 284

(iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

	cgggattttt	cccggtttaa	aaagcgaacc	ttctcccgcc	tacacccgaa	gttacccaaa	60
	tatgggttagg	tccggttttc	caacttggea	aacgtatggg	gaagccccggg	gatggcttc	120
	ataaaattttc	cagcggatta	tggcatctt	tccaggaaat	acctcttggt	aaaggcctgc	180
	ttgcaaataat	gcatttccaa	acttgaataa	tagtgtgaa	cagtgttac	cagtttaaag	240
5	cttcacttc	atttgtgtt	ttaattaag	gatttagaag	ttcccccaat	tacaaaactgg	300
	tttaaatat	tggacatact	ggtttaataa	cctgctttgc	atattcacac	atggtcaact	360
	gggacatgtt	aaactttgtat	ttgtcaaatt	ttatgctgtg	tggaaatacta	actatatatgt	420
	tttaactta	gtttaataat	tttcattttt	ggggaaaaat	ctttttcac	ttctcatgtat	480
	agctgttata	tatataatgtct	aaatctttat	atacagaataat	atcagtaactt	gaacaaattc	540
10	aaagcacatt	tggtttatta	acccttgc	cttgcatggc	tcatttaggtt	caaattataa	600
	ctgatttaca	ttttcagcta	tatttacttt	ttaaatgtt	gagtttcca	ttttaaaatc	660
	taaactagac	atcttaattt	gtgaaagtt	ttaaactac	ttattgttgg	taggcacatc	720
	gtgtcaagt	aagttagttt	ataggatgg	gtttttctc	cccccttacc	agggtgggtt	780
	gaataagtt	atttggccaa	tgtttaat	ttaaactgtt	ctgtaaaataa	agtgtctggc	840
15	cattttgtat	gatttctgt	tgtttaaaggt	ccccaaaatca	aaatgttaca	tccataatca	900
	gccaccattt	aacccttct	tgttctaaaa	caaaaaccaa	aggcgctgg	ttggtaggg	960
	gagggtgggg	agtatTTAA	tttttggaaat	ttgggaagca	gacagcttta	ctttgtaaagg	1020
	ttggAACAGC	agcactatac	atgaaatata	aaccaaaaac	cttactgtt	tctaaatttc	1080
20	ctagatttgc	attatttgg	tgtttaatgt	gtattccaca	gaaagtggta	attatctctt	1140
	ctctcttct	ccatttagaaa	attaggtaaa	taatggattc	ctataatggg	agcatccaa	1200
	cttattttaaa	cacacataga	atgtgaatt	aaaaaaagt	tctaggattt	tcttttattc	1260
	tgccacattt	attgataaac	agtgaaaggaa	ttttttaaaa	atttttaaga	attgtttgtc	1320
	acgtcatttt	tagaaatgtt	ctacctgtat	atggtaatgt	ccagttttaa	aatattggaa	1380
25	catcttcaat	cttaaacatt	tctatttagc	tgattgggtc	tcacatatac	ttctaaaagaa	1440
	aactttttagt	ttataaagagt	tacccccccc	ataagattt	ttaatctcag	ttacctacta	1500
	ttctgacatt	tttaggaagga	ggtaattgtt	ttaatgtat	gataaaactt	tgctgggtt	1560
	ttggatctt	tgatgtctgag	catgttctgc	actgggtgtt	atgtctaata	taattttata	1620
	tttacacaca	tacgtgtac	ccagagatta	atttagtcca	tatgaactat	tgacccattg	1680
30	ttcatttgaga	cagcaacata	cgcactccca	aatcagtgtt	tttagacttt	tcaagtatct	1740
	aacttatttc	caaacatgt	ccatgtttt	taaaccttct	gattccagc	aacataactat	1800
	agaaaaacacc	tgctactcaa	aacacaactt	ctcagtgca	tccattgtct	tcgtgagaga	1860
	caacatagca	atatctgtt	tgttgc	tttcaagat	gcctgaactt	aaaaagttgg	1920
	tgcattttgtt	gtatctgtat	gatataaaat	tgcctcttag	ttcactttgt	gtcaagagact	1980
	aaaactgtt	acctaacttt	ctcttattgg	tggtaataa	ctggaaataaa	agattttatt	2040
35	tcatgctcac	ttcttaaaag	tcataaaaaac	aatcaaataag	gatcatgtt	attgtcatgt	2100
	gtttccctgg	ttctgacctg	tgtgcacacc	cctgtgttt	tataattttt	aaattgtat	2160
	ttatatagggg	tttttattt	ctaaaaacca	ggctgttga	tcacatttgg	gaagggtaact	2220
	tatcttaat	actaatgtact	taattggaa	agttgaattt	ttgtaaaataa	aaaaatccaa	2280
	ggacttcttg	ggatTTAATC	taattgtc	ttcgtaggc	agatgcactt	ttttggataa	2340
40	tggaaagtta	agcataccga	atgttacttt	tgggtgacaa	acgggcctaa	tagtccgggg	2400
	ggaaatccct	aacgggtt	agggccaaatg	atgg			2434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

gccttatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaag 60
 ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaaagag120
 10 aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttgttc tagaagtcca gaattttggal80
 cctccacgtg aaagaactgt tcttacctt gaaactgggg ctcccataag ggataatttt240
 cctcagagta gcaaagttt tcttattaga gaaatcttg gactcagatg aagtcaaggaa300
 tagaagaccc ttggacctgg caggttaatg ctgattttc cttggcctt cccttgatt360
 tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagg ctacaacttc aagttttatc420
 15 atttgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctgg480
 gaccacctea gatcttattt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagttcttg540
 ctcttgaccc tgcactgtaa gttgcctt tattagcagc caaggaaaag gaaaaacatga600
 gcttatccag aacggtgcc gaggctt ggcaatcaac caacgttgtc atgaaaatatg660
 ctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttgtt gaaaaaaaaatgt ggcaagacat720
 20 gattaatgaa tcagaatcct gttcattgg tgacttggat aaagactttt taattttaaa780
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 798

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 882 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

attccaaaca tggcggtcc actagggggat atgtttctg ggcagccacc cggtccccct 60
 caggccccgc cgggccttcc gggccaaagct tcgccttcc aggcagctcc aggcgctcct120
 agaccttcca gcagtaactt ggtggacgag ttggagtcat ctttcgaggc ttgctttgca180
 50 tctctggta gtcaggacta tgtcaatggc acggatcagg aaaaattcg aaccgggttt240
 gatcagtgtt tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacaa300
 aaaaggatgc agttatctgt ccagaaaccca gagcaagttt tcaaaaggaga tttgtcagaa360
 ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctatccaga agcaacttgac aaagctgagg420
 cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagcccgcc 480

cagggctcct tggcctaccc ggagcaggca tctgccaaca tccctgcacc tctgaagcca540
 acgtgagcaa agggcagagg cagtggcct atgagtggc tgatgcgtga ggttggccac600
 acattccttc ctgtggact gacatttgg aagaacttt tgccagataa tgagttcatt660
 5 ttagtttat gctcccatgg aaaattttc cactatttt ataagctgtt aatttcttga720
 gtactttata acatqtcgt agcttggata aaccaagtaa gtatTTTT ttgtcttta780
 gcaaagtta gactgtaat atgatgacac agattttt ttatggtggc ttgcttgtt840
 taaaattttt gcatgactt taaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa aa 882

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2901 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtcaa gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
 ggaacaaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcg aaccccagcg aagaagaggg 120
 35 tgaaggccaa gatgaggaca ttttacctct aaccctgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
 cctaaaatct ctattgaaa tcttgattct gatggggaaag caaaacatac ctctggatgg 240
 acatgaggt gatgaaatcc cagaaggctt cttaactcca gataactttc aggcaactgt 300
 ggagtgtcgg ataaattctg qtgaagaggt tctgagaaag cggttggaga caacagcagt 360
 taacacgtt ttttgttcaa aaacacagca gaggcagatg cttagatct gtgagagctg 420
 40 tattcgagaa gaaactctca gggaaagttag agactcacac ttctttcca ttatcactga 480
 cgatgtatg gacatagcag gggaaagagca cctacctgtg ttgttgaggt ttgttgatga 540
 atctcataac ctaagagagg aatttatagg ctccctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600
 tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
 tcgtggccag gcttacattt tctcttagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttgttgcttc 720
 45 tagactttt gaaaaatatc cccaaagctat ctacacactc tgctttccct gtgccttaaa 780
 tatgtggttt gaaaaatctg tacctgttat gggagttatct gtgcatttag gaacaattga 840
 ggaagtttg tctttttcc atcgatcacc acaactgtt tgagaacttg acaacgtaat 900
 tgctgttctt tttcagaaca gtaaagaaaag ggtaaagaaa ctgaaggaaa tctgcatttc 960
 tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aattttatgtt gaaactcttc aagcacttgt 1020
 50 tttatgttta gatggataa atagtgcacac aaatattatgg tggataact atatagctgg 1080
 ccgagcattt gtactctgca gtgcgtgtc agatttgtt ttcattgtta ctattgttgc 1140
 tcttaaaaat gtcttatctt ttacaagac ctggggaaa aacccctcagg ggcaaacctc 1200
 tgatgtctt tttgcggccg gtatgttgc tgcaactgt cattcactca acgaagtgg 1260
 tggaaaat tgaagttat catgaattt ggtttggaa agccacaaat ttggcaacca 1320
 55 aacttgat tcaaatgaaa ctccctggaa aattcccgag agtcaccag ggttaacttgg 1380
 aatctcagct aaccctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc 1440
 acattattca ggaacttaaa gatatttct cagaacagca cctcaaagct cttaatgtt 1500

	tatctctggc acccctcgac atgggacaac tcaaattcaa tacgtcgag gaacaccatg	1560
	ctgacatgtt tagaaatgtac ttacccaatc ctgacacgct gtcagcttag cttcattgtt	1620
	ggagaatcaa atggaaacac agggggaaag atataagact tccgtccacc atctatgaagl	1680
	ccctccaccc qcctgacatc aagtttttc ctaatgttgc tgcatgttg aagggtcctgt	1740
5	gtattcttcc tgtgtatggat gttgagaatg agcggtatga aaatggacga aagcgtctt	1800
	aagcatatgg gaggaaacact ttgacagacc aaaggtaaag taacttggct ttgcttaaca	1860
	taaatttga tataaaacac gacctggatt taatggtgga cacataatt aaactctata	1920
	caagtaagtcc agagcttcc acagataatt ccgaaaactgt ggaaaataacc taagagactt	1980
	ttaaaaaatag gcttttttat atttgatatt tggaaagaaaa agccgtaaagg tttatgtt	2040
10	ccacttaatc actaaatatc ttgcctata ggactccatt gaatacatta gccatgtata	2100
	atctacctgt taaaatggcc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt	2160
	ccagaagaga acgttggaaag tgccatgttt cctttgcgt gatctctgtt gatggcactc	2220
	tggaaattgtt tcagttaaatg catttttagac atagcatttta ttatctactgt gatgtcttac	2280
	ttgttgggtt ttatgttattc tttgaagaaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaaggaa	2340
15	tacattttat aaaatgttgt agtggagccc acaattgacc tttgactaat aggagttta	2400
	agtatgttta aaatctatac tggacagtta caagaaattt ccggagaaaa gcttgtgac	2460
	tcacccaaaca aggatttcag tggatgttt gtctttcttg aacttaaaga aacaaatgac	2520
	aaagtttggaa tggaaaagcc tgctgttggt ccacatctcg ttgctgttta cattccttgg	2580
	tggagcctac atcttcttac gcttttagc aggtatgt tgaacacttc tgtttcatgg	2640
20	tttggagacaga atcagaggcc atggataactg acaactgtt tttctctgtt tttctctgt	2700
	ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgcattt taagaaaaac ctggaaaacc	2760
	tacaaaataa gtgttgtggt ttatcttagaa aaatatggaa aatattgttg ttatgttgg	2820
	tgaagaaaaat caatgttgc tagtttattt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttaa	2880
	aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa a	2901

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 579 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(viii) SEQUENZ RESCUEIRUNG: SEQ ID NO: 5;

50 aaagaaaagag aaagaagaa aagaagattg tagcttagggg gagagttaggt gaaaagatga 60
acaacatgac cgaaaaaggatt tcctaatttc accacagcct ggctctaccc taagtctttta120
ataaaaagctt gactgaaggt accaagggtgt gctgaagtttgg aagcaaaagtt ctccaaagtc180
cagcatggta gacatcagtg gtgttaaccac accaaggcgtt ccaaggcaag gtgaacctca240
55 aaaaatggaaac ctcaagtctt tgcaagtccag ctggccctccc caccagaaaag tccttgcc300
agcccaacat caqtqcctt qagtttgttt actagaaaaca aaggaagaat ttcccttgtaa360

aaatatagac agagtagtcc ctggcttct cctcttgag gaaggatgga ttctcccatt 420
 ccataaccatc ttccccccac actggcccca gaaataactta attcaactat gtgaaaataa 480
 agattttt tggttgagg gcataggat ccatttatcc ttattctta tgaggcacta 540
 aattagctt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2809 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA 15

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:
 gcagggcctc gtgccgttq cataaatagg ttttctcaact cttcttttt tccttctttt 60
 atccctcaact ccctcccta aaccctgctt cagcacaatg gactaattct agcattctga 120
 tcataagcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaatc tttttaggaa aaatatccag 180
 attattcatc cactttttt agtatctact aacaactcct tttttctct agagagttat 240
 gaaggaacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgattttgtt ttatcagcag 300
 ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa tttgctactg aagctttatg 360
 gcttggttgc actgattact ccaggtcca aaaacttggt gaaagtcaact gaaacactca 420
 aggcaaatta ctttacagcc ctgagtgtct gtcaccatag ttgcataat gaatatgaat 480
 cccattggtg tgtgtatgt gaaatctgt agttgttattt tcttgaactg aaatatttga 540
 ctcaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcacatggc attattgtgg acaagttgac 600
 atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagctttaa aatgcattttt cccttgcct 660
 gtctttaact agatatacat gcttatattt atagtggtt tcacagacta taaaatttga 720
 tgtatgaaat ttttattttt atcagtgtt ttaataatga agatattttt ggagtaatgg 780
 tgctgtcttg tagcgaggta ttaatcatag taagattttt ttctttcat ttgctttttt 840
 tgtttcatat taacaatttt tttttcacac ggacacaacc cttcgacagt ctttccaaat 900
 attaaaaatca tttaaatatg tatgtctgtt tctgaacact gctcaagcca tcaagcagtc 960
 ttcatatcgt ttgcattata aaatctcattt aaatttctcca agaaaaaaaata agttgaagaal020
 tttttattcc tgaccatgca tccccctggat ttctgagttt cagttcagat tttttttttt 1080
 aatataagct gccttccgaa attgtcaaca tctgaatgtt aagtccattt tccccatggal140
 agaagcccgt agtccatga agtatggatt accatgtt tttttcaacta acagtaaatgl200
 tatttttctt attaattttt tgcctttaga atgatgtt acattttttgc ttcccttctt1260
 ccataaacat ctgcattccct cagtcagcc ttcccttgc ttgtttctt tataaatgg1320
 tgagctgtt atgcaggat tgcctttaga acagtgatggat acatggatggat tttttttttt 1380
 gcgctatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattca1440
 acttttaatg ctgattaaag gatgtatgtt aaagaatacg taggtatata taattgtgtal500
 gacaaatattt cacttttattt atattttata tattttttt ttaattttgtt aaataactatc1560
 cagttttgtt gttgtccttg ttgtttgtt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1620

gaaactatca ttagggaggg tttagtttgt tgctgttgg actgggaggg atgatttaa1680
 tttagtgcta gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgtcag acagaaggta1740
 gctataaaggc taccctgtaa gtcataatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaatat1800
 atcaataaaaa ataaacattt tgttttcta atatcttaac atatccccc cttaggagg1860
 5 aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
 cagaaggcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tggtaagaa caaagaaaaga1980
 ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
 aaattatcct gggcaagggg aagtccaggc caaaactgtc cttctcatta aaaaccagg2100
 attaaattgc aaactctgaa cttttacaa agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
 10 tcatgtgaa gtggttttt gttttgttt ttgtttttt aattttaaa atctggaaag2220
 tttagttgtt ctaatagggg ctatgctcg caattccctt tttttttttt tttttccctt2280
 ccactaagtgc aaatccttat cagatcattt tggtattcta aggagtgacg tattttcac2340
 ctgtttggat tctatattag tggctgagg aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
 ggtctgataa ggctttact gacccactg acttcagagt tatactctgt ttgctacatc2460
 15 ataatgtcgg ttttgcgtac tttttgttt tttatataatt tataaaaaaa gaaaaagttg2520
 gtgattgcatt tgggaaatcc ccaagggtt actggaccta tgggtgtat tgtaaacc2580
 gtgtccttgc tatactgtt ctctgtatgt tcttgataca ggttaaggaaa cagttggtca2640
 actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gttcatttttgc tttttat2700
 attgaaaaaa tcaaaccagc attccccatt gtgtaaatata atgattttgc tgaataaaagt2760
 20 aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaaa gaaaacaaaa aaaaaaaaaa 2809

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 910 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:
- 45 agttcggcac agagaaagta ttttaaccta cctgttagaga tcctcgcat gaaaagggtgc 60
 caaactgttt tgaatggaa gacaagtaag agtgaggcca cagttccac cacacgagggl20
 cttttgtatt gttctacttt ttccgcctt tactttctgg ctgaagcatc cccttggagt180
 50 gccatgtata agttgggcta tttaggttca tggaacatag aacaaccatg aatgagtggc240
 atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
 tagatcttgg tttgtataa aatatataag acagaagaca tgagaaaaaa caaaaggitt360
 gaggaaatca ggcataatgac ttatactta acatcagatc ttttctataa tattctacta420
 ctttgggttt cctagctcca taccacacac ctaaaacctgt attatgaatt acatattaca480
 55 aagtcataaa tttgtccat ggtatatacg tacattcttag ttggatcgt ttactctgt540
 agaattttagg tttgtggattt ttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tggggcatt600
 aaattggttt ctttaaaaatg ctttgggtggc acttttgc acagattgtct tagattgt660
 tacaacccaa gcctaagaca catctgtcaa tacttagatt tttttttttt tttttttttt720

```
gacttgttag ttgaatgaca aacggcgttgc acaaaaattttt tgccatggaaat 780  
tgtcttagct gtaaaaaatgtt gaaagggtttt gttgggtttt aaatctggta actccatgtat 840  
gaaaagaaat ttatTTTata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaaa 900  
aaaaaaaaaa 910
```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 5 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

25 agcgcggta agcgggggtg ggatctgaac atggcgccgg tggtagctgc tacggcgctg 60
aaggggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
gagggAACCTG aacccttatac cccggagctg gaatacatc ccagaaaagag gggcaagaac240
cccatgaaag ctgtggact ggcctgggcc atcggctttc cttgtggtat ctcctcttc300
atccctaccca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
30 atgcgggttgc ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcaggcgttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttgg gtctggggtg cagacctgag gaggcgtcg accctcttag480
gttattgact gttaaagtctt caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
ccagagggcg catgaagccc aggctgtgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
35 ccaccaaagg caaataaaagt tattgagtgt ttagtagaaaa ggaaaaaaaaaaaaaaa660
aaaagtgcac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 803 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

10 gaagatgagg tggagaaga gtaaacagct ttgaaaaaaaa ctgacaaaaaa ggaattttg 60
 aaaaaatca agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaagt tcgatggact120
 ggttctcgga cacgtggcag atggaaaat tccagcaatg atgaaagtga agggctggc180
 agtggaaaat catctgcgc ttcagaagag gaggagaaa aggaaagtga agaagccatc240
 cttagcagatg atgatgaacc atgaaaaaaaa tgtaggcctt caaaccatcc tgagctaatt300
 cttctgtgtg actcttgcga tagtgatcac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
 atcatccca agtggagaatg gttctgccc cttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
 15 ttaggagaac agttgcagga ttggatgtt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
 agaaaaagaac gcttgggtt gttggatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
 ccagactttt ctgaagatca agaagaaaaag aaaaaagatc caaaaatc caaagcaaac600
 ttgttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
 gatgaagcaa ttgatgaaagc tatttgatgatc gacatcaaag aagccatgg aggaggagtt720
 20 ggccgagggaa aagataatc caccatcaca ggtcatctg gaaagacat ctctactatt780
 ttggatgaaa aaataataac ggc 803

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 828 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

50 agcacttcca ggctgggtg ttgtttgga ctggagaagg gagggcgccgg gcgaaggcac 60
 gtcgagcggg ggagcggcgc tgcctgtgga gatccgcggaa ggccgacagg attcggtggc120
 tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaaac caacatcagc catgaaagat180
 ccaagtgcga gcagttactag cccaaagcatc atcaatgaaatgatgattat taacggtcat240
 tctcatgaag atgacaatcc atttgcagat tacatgtgga tgaaaaatga agaagaattc300
 aacagacaaa tagaagagga gtatggaa gaagaattttttaacgctg tttccaagaa360
 atgctggaaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccat ctcgagatct cccacaaact420
 atggaccaaa tccaagacca gtttaatgac cttgttatca gtatggctc ttctctggaa480
 55 gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaaagg agtttgtcc tggggtaag540

5 tacggaaata tttgagtaga cggggccctc tttgggtgga tgttagcacaa ttccacact 600
 gtgaaggcag tattagaaga cttaattgtt aaagctctt tgcactgtt ttacacttat 660
 gcattgcca a gttttttttt agtcttgcat gcttaataaa agtgctgaga cacttgttac 720
 ctaagtaaaa agcctggtcc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gccccatggc 780
 ctggatggt ggaagaccgc caagggaaag gaaccaccag gccaagt 828

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 552 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

ttggtttccg gcgcacca atgtggagc tgtaatagta agagttccct aaccaaagct 60
 tggattacc gtgtgggtt tcgtttttt cgtgggtttt tattgattt tgattttttt 120
 ttcttttag tgcattttgg gaaaacacat tcagaattat atctcgttt tacttaatg 180
 tagtgcttag ggttaatttt ttgtactgaa gtctttattt gtgggtgcat gctactggg 240
 35 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat 300
 cactggctt ctgtccctcc cgacaaagac tggtggattt aacaaaataa tatgtat 360
 gatttactta aagtgtttgt aaatttctta gggacctgcc acttttgcact gtggatcagt 420
 tgatgtacac ttgtattttt aaagcactca ataaatcaact gtggctgata actgcaaaaa 480
 40 tgggaaccccg acatttgcctt tgcgtctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgggc 540
 cttgtctaatttc 552

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

gcggtattaa tatttaattt attttttta cttataggc atgttgatgt ctatgataaa 60
cagatgttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcattt tctcatcg tttcttggt120
gggttcattt tttgaatca accacactc attatttcta ttaagcaatt tgacaggact180
gtttagcct gcagtgttagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat240
gcttgctaattt gtcaaaaagtt gttttgattt cttttggca cttagaaaatc catcgaaaga300
ccgtacaaac acagtcatcc cggtctatc ttcaatgaag acatctgact ctaaaggcct360
gggtggatca aattgtgtt cagagggaaat atacaggaaat atggtaatgg tagactcact420
aaaaggaccc accaccggct ccacgttagt tgcacttgg gctgtcatct ttatttcat480
ctctttctcg ttttgcctt gaatgttagt gttcagttt gtaaagccc tctggatggc540
tgaatcccaag tccatgact ccacggacgt gctgaccac ttggctggc catagtgtcg600
gatctataa cttccgggct gggggccggc gtcctccggg gccttccage cccgcgtctc660
25 cacagttgg gccggccgt cctcgccgc cccgggggtt ggctggagcg gctcgccat720
ggccggccgtg acgctctggg agcctggta gcccggcaga gccccggcac cccggccgc780
cccgccctgcg tgcgcgcgccc ccggccggc cccgagttccc ctcgcaga cccggcccc840
cctccggcc gggctggaga cccgagccca cccgatgcgt ctgcctctgg accgcgagg900
ggccggccca ccaaggccgg gccggctcac gacccggac agctccggcc ggagttgcgc960
gtccctgcccc cggcccccccg cgccgacagg gag 993

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
35 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
40 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

	ctgcaccccta	aaaaaaaaaa	gaaaaatcaa	aaaaacaaaa	aaacaaaaac	aaaaaaagaa	60
	ggaaaatctt	ggagggtggg	cgtggact	caggacccca	gagtggcgag	ttgtgtgggg	120
	agggagagcc	tctctcccc	tttctgtgt	gagaggaact	cttagtgtct	ggtcagctca	180
5	ttaaatgtgc	aatgtgtcaa	gtagcttgtt	ttacacgcta	caacatacgt	catttgcata	240
	ccattgtata	agctgtgtat	ttacaatat	aacacaacaa	ttaactttt	ccttagaata	300
	caaaaagtca	tgcatgtct	gggaactat	atgctttcc	attttaagt	caggactgca	360
	atactgattc	cagttaatga	gcagctaaga	tccaatctgt	ctaatacagt	gaccccttag	420
10	ccatccgggc	ctggcaatat	acaattttt	ttcccctcca	agtttgtaac	actcccttc	480
	cagaaaggca	ttgtgcacaca	cagattatt	ttfaaatgtat	tctgaatttg	attaacttt	540
	ttggagaatt	ctgtgtatgcc	cttagaaagaa	atggacacag	tattgagtgt	cacaaagctg	600
	gggctggaa	ttgctgtgtct	aatgtttcat	tagacttaag	aacctaaaat	tttctcagt	660
	tgggtggata	aaaccactaa	cgttggaaa	ctgtttctc	atgcagctat	tttctctta	720
15	tttagtcctt	gaggactaat	ttctggttt	ctagctgtt	atgcactgtt	gacccatata	780
	atggtcctt	acgcaagcga	tccttcgt	gggggtctca	tacaggggtg	ttggcgatgc	840
	atgtttattt	aaggcttgc	ttcacctgg	cagtgtactg	tatcaacgta	taatacagaaa	900
	aaaaaaatctc	ttaaggtcc	tccttcacaa	agacatagag	tgaaatccc	tttacatgtc	960
	agtatattgtt	caacacttta	ggcaacttga	ctgtcagtt	taaaatggaa	acaggaaaaal020	
	tgaaaaaaatc	tgaccaattc	tgccaccttg	agactttcat	atagaccttg	cacaacaattl080	
20	gtatagatca	cacacccgct	gtatthaata	tgtAACATT	tcacacatata	taaagatacal140	
	gaagtattaa	aaaaccccca	atgttaatgt	atttgcattaa	aaggcacaag	tttcacatatal200	
	ctgtctagct	atctgttgtt	aatacagaaa	gtataactact	tttttaaaaa	agtgggcagal260	
	attcttgtgt	atgtatattt	gtgtgtacag	tatgtgtatgt	tgtgtatata	tatatattat1320	
	atataatagat	aatatataaa	tatttttttt	aaggagaaaac	tagaatgttt	agctagaaaaal380	
25	ttccacagcc	tgtgaagaaa	tattcaaaa	tggccataaa	ggaggtaaaa	atgaaaaccal440	
	taacctaact	tttatacgagg	ctttagcttt	aattttaacga	tgtgcggagg	actttcttgc1500	
	ttaaatctgt	tccgggtctgt	ctgtctgtc	catcaaatgg	gcaggtctgg	aatggggcac1560	
	cttcggccgt	tcagaagtgg	cctgaacaga	atgctggac	ccaggtctgg	ctcggacacal620	
	ctaagggttt	gattttgaat	ttcagcctta	ttagaagatc	taacctaaga	gtaagctaacl680	
30	cacagggtt	cttttgcaga	acactttta	tgcagatgaa	gtctttttt	ccagcaagta1740	
	gatttttcca	gtttttccaa	ggagtaattt	ccccgaattt	gcataccacg	gcgtggacag1800	
	ctgatatttc	acccagatgc	tggcttgg	gtgtggctct	ttgccttata	tatatacata1860	
	cacatgttag	tctggctgg	ctggttttt	gtttgatct	cctggaaatg	agcagtact1920	
35	aacgctcaca	taactgttt	ttttttatc	tgggctgtatg	aatacattta	cctaagaaaac1980	
	tcatttcgtt	ttacttaaga	ggggaaagtgc	agttttcttt	tggcagttca	gaatccaaagc2040	
	acttgatttgc	ctgggtttgg	aaaactcctt	tttggcctt	ctatgtgtctt	agccataaca2100	
	attccattaa	gcaagaaggt	aagcaaaaaga	caaaaaaaaa	aaagggaaaa	aaaaaaaaact2160	
	tgcacgggt	tgtctcaactt	acgaaacatg	tcggagctgt	ttgcctgggt	ggggctgggt2220	
	accgtacatgc	tcaatgcctg	ggatttccaa	taaatttagc	acggqacata	aag	2273

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 986 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

gcgcgtatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtacca ttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
10 tggatacttg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
gattaaaaga catcttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cgatgttag240
attgcatttc agtgttaaat cttaactgtat agatgtactt aagtaaatca taaaattct300
acttgtact atagaagtga attgtggacg taaaatgggtt gtgttattt gataatggca360
ctaggcagca ttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctgtatgtatgtataaaata420
aaatattttt tgcagtaaaa tattccctt gttatgtta tagaaggggg gataaaaaaa480
15 ggaactaaca atttgtatgg cagtgtaaaa tatttttattt ttagtatttc ctgttttgg540
ttatttgcat cttagaagag cataatgaca ttgtttgtat aagccaaattt atgtctggact600
gtttgacct ggttaaccc ttctgtatagg tagttgttga tgctggggat gagaactgaa660
taatcttgc ctggagttagt actacactct agaatttcca ctttggagaa tactcagttc720
20 caacttgta ttccgtatag aacagacttt acctttctag cccagcattt atctagaagc780
agaggaatcc cagcgccctt taaaagttgt tatgtggttt tcttttaaaa agctcctgtt840
tttggaaagt agaattttatg ggtacaaacgt atgttcatta ttgtacata aaataaaacc900
attaaaaaaag ttaaaaaaaga aaaaaaaaaaag gggggaaaaaa aaaagagaaaa aaggaaagg960
aaaaagaaaa aggaggggag aagaga 986

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 526 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

50 gcgtctatat tacattttt gacactggat atttatttac ttttatatac caggcaaaat 60
ggacacacca tcaggagata agacctgtat ttacgtta agatgaaact tatgcaaaag120
gcacagaaca aattatttgt tcacagttac ttttaactt ttcagcaatg cctgagtcct180
ctttatagaa acttcatttt gctaaggtag caaccattca tttttttgtt tactcttcat240
gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca ttaatattc300
55 caaacataat ctgaaagact agaggatcg ccattaattt cattgtgtt tgacaaagcg360
tcatccaatg gattaaaacc cttccctttt gttggcagtgg aacgtatga tacctaaaaa420

```

gaaaaaaagag ttaatcacct ctccggata tgaatgctat tagaagtttgc480
 ctaaattgat aattgcctt ctagatctat aatgttagaga gaaaaa 526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttt gattgttgca aaataataat 60
 ttattnaaaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaa tccaccattt 120
 gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttcttagt gggctaatta aaatctctat 180
 ggctggaaag gtgggttgtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgc当地 gctatgcata 240
 acagatgagc ttgaaagctg cagagttaa gataacttta attttcattt attttcccaa 300
 agccagtcat gatatttttta taattttgtgg tcttcagggt qcaccatcc catgaagctc 360
 aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcatcttag aacttgacaa tggttttgc 420
 ccgaagatcg tagagaccaa gaggttaag aagttctgac acatctctcc agtctgcgg 480
 tcttgcattacc tcagctgaag gataacttctc cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
 tttgcctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
 aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggaggt gtccatttct taaaggctt 660
 acgtcggtgg gggctaagag cttttttgtt atatttgctg gaaaaataca ggcttgg 720
 ctttctttct atctgttttc gtgggatggt atcttcaggta aagtcttcc tggttggta 780
 gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaaat gttttttcc 840
 ttccacaact tctacttttq ttccgatttc ttcatgtt aaaaaggat cctcataactt 900
 ctctgtgtgt tctgatgtttt tggctgaaca aaatttggat atgatgccag aagttttttg 960
 ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatcttttca tttttttta caaggctgtt 1020
 ttcttcactg gtcacactga gggcttcacc acatgttcca gcacatggaaa tgcagacagt 1080
 tctatcaagg tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcacatgtttt tattacacac 1140
 agattctttt ttcgtatcac tttgaacaaa acctgaacag ctcttcctac atcctttttt 1200
 agttttctta attgggattt ctttcaaaaat agtccacctt ctttgggtt ttctaacctt 1260
 tctgaagttt acatcatcaa cacccttcattt ttttttttttcaaa agcaaatgag tggaaagtaa 1320
 gtttagagatg cctctgttct ccttgcacactt tgaactactt cttggccggca taaaacacatc 1380
 ctttttgcac ttgcttcggg tccctgggtt ccagtttggaa ttgttactttt gtttttggtag 1440
 atgggatgtc agggctgcca tgctgcagtc ttatatactt gacttgatac cccttttaga 1500
 aagttacatgaa aatcaaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatttt ttttggat 1560
 attagcaagt gaaactttgg atctgttactt cagtccttgc gggcttagaaa atgatattaa 1620
 aggaaactta ctgcttagaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catttcagat 1680
 ttcttaattaa ttccaaatgtt tgccatagg tatctgttcat ttttttttttcaaaatgat 1740

taaatggcac ttttaaatgg tttcc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```

gtttttttttt gttttcttta aatttggatg tctctacacc actccttgatt tggacta 60
aatagatcta ttatccaa tgcattttgt gtaacatcca ttcttcctt gattttaaa120
30 aatacttttag tattcttaac tatgtatgtg ctttcttta cactgaggcc tttttgctc180
ctttcagctg ctcacacaaat cctgtctgtt ggagtcatag ctgtcaattt catatttt240
ctctacacac cttgaacatt tagtgttta ctggtagcc tctgtgttct agggaaacaaa300
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360
ttgttaagata gtaagtttagg aatttcacag tcattgtctcc aaatttcatg gcagagttta420
35 aaaaacaata taagactgtg gtaaggatca aacgcacaaatg caatttgcgt tgactaattt480
cctaggactt atttcccttat gtaaaacccc tggatccctt ttccctgccac aagacagggt540
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcaggtg tccacaccc agacattgtt ttgtggatac600
tctcaaaagggt gtccacaaag caaaaaaaatc agaccaaata gtaagagcaa gtaacttata660
40 cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgttt720
tgctaaatttta ctaaaataat agccgc

```

746

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 659 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tggccaggcc 60
ttgggtggca agtctgaccc gagaaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120
tggggatga cattcttcc caccggcggaa aaaccccttgg gactttcaga180
gacattgtgg cttagccaacc acatggtcag cctcaaaggat gagaggctca gtaaccctcc240
tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatthaacta gaaaggcatt ggtgactatc300
tgtgatcctc tggaaagtatg ctatgttgatg tataatcttgc atccaaagcc agagggaaacc360
acaatgacta gtaaaaacgggt ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420
20 atagtggcgt tcagctgata gagcgggaaag aagaaatatg cattttttat gaaaaaaaaataa480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaaga540
tccaatctc gaaaatgaaag attgctgaga agcaaagaca aatttgatgtg acccagaaat600
tactgccagc caagagggtcc ctggatgcgg accttagctgt gctccaaatt cagtttca 659

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 357 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```

cgcagtgcgc agccgtgggg ctctctcctt gtcagtccgc gcccgcgtgcg ggctgggtggc 60
50 tctgtggcag cggcggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgcggcc ttctccctgg agtaccgagt cttccctaaaa aatgagaaag gacaatataat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataagta aggcacccctt gtttttggac240
acagtctctt tactcagatc agcttagttct acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300
aagtgcattaa aatgcctcgat tttgtgtgtga gtaaagggtct gttgatttagg ctggggcg 357

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

```

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagttagg ttcagagtgc 60
attccggaac ccggggcgcg ggcactgcg caggcggccg gactccgctc agttccgggt120
gcggcgaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggt ttcttagggtt ttacgaagc180
tgccaggcg agatggaggt ggacgcaccc ggtgttcatg gtcgagatgg tctccgggag240
30         ccggcgaggct ttacgcgggg aggaggccg aacttcgcatg tgaggcctca gtctgggca300
aatgggcttc ccaaacaact ctatgggt gacccctggc tttccatcct ttgcgtgtg360
gtgggtttc tctttgtta tttttggca tgacttggc gctgatatct aaattaagaa420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaaacttc ttgaataaaag aagacaggac480
tctcaataga agaatttcac atcccaagg gacccttc ttcattttac actttgttac540
35         taatttgcag aactcttata attggtagg atttcaccca ttccatgcta agttcttaaa600
attaaaccct ttgggtcg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggctt acaggggctg660
aatataaaag cattttgtact taaaggctt gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
tttaatgttt taagagtta tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780
taaggggaaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaattttat ttcaaaagcg ggggaaaggg840
40         ttttgagagg agggggcccc aaggtgttcc tggggtttgc cgagggaggc      890

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

15 gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaag gtgtgcggc tttataaegcg ggctacgc 60
cacctcgagt cgtggcgt ccagagagac aaataccgat acttgcgg 120
gccccgtttt aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccaccca gctgctgaag 180
gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct 240
20 cctggggggca ctccttatga gagatacgat tgctacaagg tcccaaatg gtgcttagat 300
gactggcatc ctctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg 360
aagaaactgc ggagggaaag ctggAACGA gaggttaaagc agctgcagg gaaacgccta 420
25 cctgggtggc ctttaactga agcttgccc cctgcccggaa aggaaggtaa ttgccccca 480
ctgtgggtgt atatttgac cagacccgg gagcggccca tgtagaaaga gagagacctc 540
atcttcatg cttgcaagtg aaatatgtta cagaacatgc acttgcctta ataaaaaattc 600
agtgaaatgg taaaaaaaaaa agtgcattt tagtatgcaa taataagcgg c 651

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1256 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

50 ctcgagccga attcggtctcg agcttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcattaa 60
acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggt cttctgtct ggtggcactt 120
agagtctttt gtgccataat gcagcgtat ggagggagga ttttatggag aatggggat 180
agtcttcatg accacaaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt tttgaaaagg 240
tttattataact tcttaacaat tctttttca gggactttc tagtgtatg actgttactt 300

aaactatcta aaatagagca tttggtata tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
 catttaaaca ttacccagca tcattgtta taatcgaaa ctctggctt tctgtctgg 420
 ggcacttaga gtctttgtc ccataatgca gcagtgatgaa gggaggatt tatggagaaa 480
 5 tggggatagt cttcatgacc acaaataat aaaggaaaaac taagctgcat tgggggttt 540
 gaaaaggta ttatacttct taacaattct tttttcagg gactttctt gctgtatgac 600
 tggttacttga ctttcttga aaagcattcc caaaatgctc tattttat agattaacat 660
 taaccaacat aattttttt agatcgatc agcataaaatt tctaagtctg cctctagtctg 720
 tggttcatct cttcacctg catttttattt ggtgtttgtc tgaagaaagg aaagagggaa 780
 gcaaatacga attgtactat ttgtacccaa tctttggat tcattggcaa ataatttcag 840
 10 tgtggtgtat tattaaatag aaaaaaaaaa ttttggttcc taggttgaag gtctaattga 900
 tacgtttgac ttatgtgac catttatgca ctttcaaattt aatttgctt caaaataaat 960
 gaagagcgc tgcccttctt tcctcttttta agtggtcagc tggcatgc ttagaggccc1020
 ctgctggatt ccagctggag cggtgtgata cccttctttt tcagctgttc gtgccttcc1080
 ttcttgatc caccaaaatg gagacaata catgatctca aagatacaca gtacctactt1140
 15 aattccagct gatggggagac caaagaattt gcaagtggat gtttggat cactgtaaat1200
 aaaaagaggg cttgggattt ctgcgattt catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 694 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

gtttctaaag gatgtgttaag aaaccagagg taaaggcttc gcgatatactt aagacatccg 60
 qcgtatcgtc cttcaatggc ccacagcgct agagaatgt gagaagctcg cgagatctgtl20
 45 gccgttgccg aggagactag gaggggggagg agaggggatc tcgcggaaagg aaagaggctg180
 ggagcgctcg cgagatctcg gaccacccaa cctgaaagggt gcttaggaag ttgaaaggcc240
 cagaggagcc ctccggggca atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga300
 atggctgtt cagtcggctt cagagcagct ccagtctgtt ggattcggac ggagagcgcg360
 aggactcgcc ggctgagcgc gcccggacagc agcttagaggc gctgctcaac aagactatgc420
 50 gcattcgcat gacagatgga cggacactgg tcggctgttt cctctgcact gaccgtgact480
 gcaatgtcat cctggctcg gcccggagg tccctcaagcc gtggattcc ttctctgccc540
 gggagccccg tggctgggc ctggccatgg taccggaca ccacatctt tccattgagg600
 tgcagagggc gagtctgacc gggcctccgt atctctgacc acgatggcgc ttaccttca660
 gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaaaaaaa aaaa 694

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1927 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 672 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

25 gccttttat ttttttttt tggtcggtat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60
cagttaatga ttgactaact ctgttggtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaaat120
agggtacag cgctgtttt atgctacacg ggttatgctt ggactctgac tcccgagc180
aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttccaccatca tggaaaacac cttcccttt240
cttcgaggatt ctctgttagtg gaagagagca cccagtggtt ggctgaaaac atctgaaagt300
agggagaaga acctaaaata atcgtatct cagagggctc taaggtgcca agaagtctca360
ctggacattt aagtgcacaa aaggcatac ttccgaaatc gccaagtcaa aactttctaa420
cttctgtctc ttcagagac aagttagact caagagtcta ctgttttagt ggcaactaca480
aaaaacttgtt gttacccaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540
35 tccgcaaaca ggatgtgctt tccttgcctt atttagggtt tctttcttt cttttctt600
tgtttagtct tcgttctt tttcagttt catcagatct cccccctcggt ccactggaat660
ctcagagggtt gc 672

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 269 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

10 ccgcatccta gcccggact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60
 gagaaaattc cagtgtcagc attcttgcgc ttgtggcgc ttcctacaa tctggccagg120
 gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180
 cagaccctct ccagaagttt gggtaacaa ctcatctgga ctcagacgta tgaagaagct240
 ctatataaat cgagacttagc aactaacc 269

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 604 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 20 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 30 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

40 tgcgaggcg ggatagttgt ccaaggctc ccccagcact gaggagctcg cctgctgcc 60
 tcttgcgcgc gggaaaggc accaagttca cggccaaacgc cttggcacta gggtccagaal20
 tggctacaaac agtccctgtat ggttgcgcga atggcctgaa atccaagttac tacagacttt180
 gtgataaggc tgaagcttgg ggcategtcc tagaaacggt ggccacagcc ggggttgtga240
 cctcggcgc ctcatgtc actctcccgta tcctcgtctg caagggtgcag gactccaaca300
 ggcggaaaat gctgcctact cagttctct tcctcctggg tgtgtggc atctttggcc360
 45 tcaccttcgc ctcatcatac ggactggacg ggagcacagg gcccacacgc ttcttcctct420
 ttgggatct ctttccatc tgcttctcct gcctgtggc tcatgtgtc agtctgacca480
 agctcgcccg ggggaggaag cccctttccc gggtgggtat tctgggtctg gccgtggct540
 tcagcctagt ccaggatgtt atcgctattt aatatatttg cctgacgatg aataggacca600
 aggt 604

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

```

cttaatgtg cctagagcaa tggaatgggg cactttgggg gcgggtggaaat tcaagacgct 60
ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctctttcc ttctgggcatt cctctccctct120
gttctaattcc tcccttacac tcatttcgtt tccattgtat tctgaccaca tccttaatca180
tggtaaaaac tattgagtcc tggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240
actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300
tggccaagct ctatgttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccctt360
tggaaagtgtc cctggcctt tgagaaagca gtgtggtga gggagatggt tctggcagg420
gccgtgaatg gttgtttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattggaa480
actgattata accactcggg caccatcgat gcccacgaga tgaggacagc cctcaggaag540
gcagggttca ccctcaacag ccaggtgcag cagaccattt ccctgcggta tgcgtgcagc600
aagcttggca tcaacttga cagcttcgtt gcttgtatga tccgccttgg gacccttcc660
aaacttattca gccttcttggc cgaagacaag gatggcatgg ttcaagcttc tctggccgag720
tggctgtgct gcgtgttggc ttgaccgc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780
c

```

781

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 304 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

10 ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgtaactc gtgcgcctcg ctttgcttt 60
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtgc 120
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac 180
aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgcgc ccaagtatgc actgagatgc 240
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg aggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg 300
gtgg 304

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
20 (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
25 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
30 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
(vi) HERKUNFT:
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

40 aattcggatc catgggccac agtggatggc ttgaaatgtg gctgagcgct tcggacactt 60
cgatccatg gtggccaccc caagacgcgc cccagccgc catggcccgg atcctccgg 120
atcctgcctt ctgtccctgc tcctggccgg gtttgttccg cggggccggg gacaagagaa 180
gtctaagaca gactgcccatt gcggtatgag tggtaccatc tacgagtatg gagccctcac 240
catcgatggg gaggaataca ttccttttaa gcagtatgca ggcaaatata tcctctttgt 300
45 caacgttagcc agtactgag gtctgacaga ccaataccct gaactgaatg cactacaaga 360
agaacttggg ccatttgct tggtattct gggcttccct tccaaccaat ttggcaaaca 420
ggagccaggc gagaactcg agatactccc cagtcctcaag tatgttcgac caggtggggg 480
ctttgtgcct aatttccage tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagccgaa 540
attctacact ttcctgaaga actcctgccc tcccactgca gaactcctgg gtcacactgg 600
50 ccgcctcttt tggaaaccca tgaagatcca tgacatccgc tggaaactttg agaagttcct 660
ggtggggcca gatggcatac cggttatgcg ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720
caagatggac atcctgtctt acatgaggcg gcaggcagcc ctgagcgc 780
actgatgccc ccacccattacc ctttccccctt gcccattatg caagggccga ggaggggctc 840
ttcaggaagg aagccacatt cccagtcatt ctaccccccac cccagattct ctttcttatt 900
55 acataaaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960

	tcccagtgtg	tgcatggcta	cacagccacg	tatctgcctg	cttggaaaccc	aggggatggc1020
	catctgtgtt	tacggcttgg	cacaacaccc	tcataatttt	ttcagcttcc	tgttccaaat1080
	gagccccaaag	gaaacacaag	ttcttaggtcc	aatggttctg	ctcaaacctg	aacatcattc1140
5	ttggggccag	catctccac	atgcccacac	tacacaccac	cagcctcctt	cttccttcct1200
	gaaggaccct	cctgagcccc	caagccccatc	ccacagtgt	cctgagacca	gccaagacaal260
	ctgtgagcgc	gatggccgtg	taccccgagg	caggggttgt	gtctctatga	aggagggggcc1320
	cgaagccctt	gtggggccggc	ctccccctgag	cccgctgttg	gtgcagcccc	ttagtgcatt1380
	caggcttagg	ctccccaggca	gggacactac	ccccgcgcct	ctggaggaca	tgctatcctc1440
10	tcactctgtc	cactggtatc	tcaacacccc	catctgcccc	gtaaaggct	ttctgcagca1500
	aaaaaaaaaaa	agaaaaaaaa	aaaaaaaa			1528

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 499 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

35	ggcagggtctc agcgcttc cccctgtcc gtcctctgc agggcccagg cgcccttggc 60 cttaggaccc aacttctctt accggccatgg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca120 cctccccagaa qccccgtgtq qggggggggcc acggggggaga tcccaagctc agtccccacal180 aagttcaggg ccgggtcgag gcaggggcag gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct240 40 cttccgactc cagcagcagc tccagcgatt cggacacggta tgtgaagtcc cacgctgtct300 gctccaagca gcacgagagc atccccggca aggccaagaa gcccaaagtg aagaagaagg360 agaaggggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggaggctcc ccactgaagg gcccggaca420 gggctcatta aaccttcctc tctgcctacg agtacccaacc acctggagct aagatgctta480 ggtggggggg ggcgcggca 499
----	---

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1396 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

ggcaccggtagttggaa cagcggaacg ctggtcccg ggactgagta aggtgtctgg 60
atcgaggaga ggttcgggtg ggcacatgggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgtggg 120
aaagcgcgag tctgagtgga accctggacg acttgccagag cggtggcg agtcatggcg 180
gactactggaa gtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgtg gatagcagac 240
aataggccta gtgttgaatt tcataaagaaga gaaaagaatc ataaggaaaa tttggcaaaa 300
agatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggccaa aggaagaaga aaaggcatca 360
aaggagttt ctgcaatggaa ggcagctgcc ctgaaagcat accaaaggaga tttggaaaaga 420
cttggcttag agtcagaaat tttggagcca agcataaacac cagtaaccac cactatcccc 480
cctacctcga catcaaatac acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccctc 540
aaagggcaga tgggtagaag qcataaccc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
ctcaggagca tctcagtggg agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacacg 660
agtgaagacc gtttggtag aaggttaag tgaagatgg ttacattt actataatac 720
agaaacacagga gaatccagat gggagaaacc tgatgattt attccacaca ctagtgatct 780
gccttcttagt aaggtcaatg aaaattcaact tggcacccata gatgaatcca aatcatcaga 840
ttcgcataatg gattctgtat gggAACAGGA agcagaagaa ggagggtct ctacagagac 900
agaaaaagcca aaaataaaatg ttaaggaaaa aaataaaaat agtcatggag gaagtgcacc 960
agaaacacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa1020
atcgaaaact cttaaagaaat caaaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
tgagtctcat gaggaggtat atttggact tccaaaggact gaaaatgagt atgtatcaac1140
ttcagaagct gatggggcg gagaacccaa agtggtattt aaagaaaaaa cagtcacttc1200
tcttggatgat atggcagatg gatgtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatgl260
ggaaaaatctt aggaaaattt aaggcaacg aggtgatgat ccaatagttt gcagggagag1320
ctttttgtt acatgtttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca ccccccaagt1380
ttgtccccgtg ttttgt 1396

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 808 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

10 cctctgtcca ctgctttcgtaa gaagacaaga tgaagttcac aattgtctt gctggacttc 60
 ttggagtctt tctagctcgccttagcta actataatataaacgtcaat gatgacaaca120
 acaatgtcgaa aagtggccag cagtcgtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccatg180
 ttgacaataa caacggatgg gactcctggatccatctggattatggaa aatggctttg240
 ctgcaaccaggactcttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aaggaagtca300
 15 tgccctccat tcaatccccat gatgcactgg tcaaggaaaaa gaagcttcag ggttaagggac360
 caggaggacc acctcccaag ggcctgtatgt actcagtcaa cccaaacaaa gtcgtgacc420
 ttagcaagtt cggaaaaaaac attgcaaaca tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg480
 agggatgca agaggcaagc ctgtttttt actcaggaac gtgctcacacg accagtgtac540
 20 tatggattgtt ggacatttcc ttctgtggag acacggtgaa gaactaaaca atttttaaa600
 gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgcgtcagaaa aaatatggc tccagtggtt660
 ttaccatgtt cattctgaaa ttttctcta ctgttatgt ttgatttctt taagttcaat720
 taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc780
 aaagatcacc caggtggaa gaggtgga 808

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1139 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

50 ttttttttttttttttttttttttgcag caataccctcc tttatgtat ccctgtttat 60
 gtcccacatgttactgtatt atcacagatg caactgtt atcatagagc actcagaaaa 120
 catggaaaaat tatttttaaa aatcgaataa tcctattcaa gtcaaccagggttaaccccg 180
 gtgtgcttcc tgccagtcgttcc ttcctccca tgggagtcac acaaaatgaa aatctctaa 240
 aagagaaaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgctgcgacc tcccatgtt 300
 gttcaacatcctcaactcgagcgtcaactg gctggagtg gtctataaat ggaattggct 360

taactatctc ttcaactgaaa ggtggacatt tagggagttt ccagtttca gctgtataaa 420
 acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcg tcccttcgct ttgaacttct 480
 tcgcagaccq ttcaacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaatgtag gaaataaaagc 540
 catcggttcc cacagtgaac acgcagttt gcttggggat aacttcagg cggcttctt 600
 5 tggtgataat tttgaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgtt atacccacat 660
 aagaggggca tttggatattt gtcaactgaaa taatagcccc gtgaagatct gccttaaga 720
 gcttggcctt aatcatctgt ggctgcgtgt ctggctttag cccactgcac aggtccctgt 780
 tgtactgttt ccagagtca tggagagggg gaaaaaggct gtatctctgc tgctctgggt 840
 taatgtcaaa gagccgcagc tccctccctt gcctggcaga gaagcccttgc gcttcttct 900
 10 tcttcctcctt ggccttgcgg cgggtgaagt actccaggac caccgccttgc cgtgcagct 960
 gtcctcgcg ggcctgcggg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaa 1020
 ggcctcggcc cgctgtgtc ctgaaggctg gacatcgag tcatcgctt cttctgaga 1080
 caatgcatttgg tagatcacac tcttcatttgc cggaccgctt ctgatgacg 1139

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2177 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 20 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 30 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

gcccacgcgt ccggtcgccc cccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
 40 aagacagcca gttgctctca tgcgtttattt gtctttcaat gtgcctcata taaaaacag 120
 cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
 tcctctgtca tctgtgaagg agctaagaga catggaaatc actctgcata tgctttaca 240
 ctctgatcga gatccttattt cagatgttcc tgcaatatac tttgtatgc caactgaaga 300
 aaatatttgc agaatgtgcc aggttctcg aaatcaacta tatgaatcat attattttaa 360
 45 ttttatttct gctatttcaa gaagttttact ggaagatatt gcaaatgcag cgtagcagc 420
 tagtgcaga acacaagtag ccaagggttt tgaccaatattt ctcaattttta ttactttgaa 480
 agatgtatg ttgttattat gtaatcaaaa taaggagctt gtttcatatc gtgccattaa 540
 caggccagat atcacagaca cggaaatggaa aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
 50 cttctgtttttt tttgttactc tggtgtctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
 agcagaaaatg gtagcagtga aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcag 720
 aaacagtctt ttacacgggtt atacacttgg agctggccaa ttcaacttcc agaggccctt 780
 atttagtccctt gttgacagaa acatagatggt ggcaacttcc ttacatcata ctggacata 840
 tcaaggatggt gtcacatgt tactggattt ccattttaaac aggttaattt tggagaatac 900
 55 ttcaaggatggt gaaaacttcgc cagctgggtc tagaccaaaag agaaaaaaaca agaagtctt 960
 tgatatttact ccgggtgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt 1020
 tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca cagaagatg aggtcaaaacg 1080

acttaaaaagc attatggac tagaagggga agatgaaggga gccataagta tgcttctgall140
 caataccgct aagctaaca cagctgttag ttcttgcca gaactcctg agaaaaaaagl200
 acttattgtat ctccatacaa atgtgccac tgctgttttta gaacatataa aggcaagaaa1260
 attggatgtat tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tgatataatcl320
 5 tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgaggttgtt1380
 tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttcttag gctgatttgg agcaatataa1440
 aaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
 ggctttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcaactacca ctaaaccat1560
 gggctttta tcacgagtc tgaatacagg atcacagttt gtatggaaag gagtgaaga1620
 10 cctggttttg aaacagcaaa atctacctgt tactcgatt ttggacaatc ttatggagat1680
 gaagtcaaac cccgaaactg atgactatag atatttgtat cccaaaatgc tgcggggcaal740
 tgacagctca gttcccagaataaaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtgggtgg1800
 aggaggcaac tacattgaat atcagaatct ttttgactac ataaagggga aacaaggcaal860
 15 acatTTTA tatggctgca gtgagctttttaatgctaca cagttcataa aacagtgtc1920
 acaacttggc caaaagtaac acagaagaac cttaactatga taatctactt ggaatgtggal980
 taaatgtaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ctttcgtt aacagtgtcc2040
 taacagtgaa aatcagagtt atttgttaat ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
 tgattaaaag aaacatttca gaaataaaaat ttcaacatttgaaaaaaaaaa gtcggctacc2160
 20 tacacggata atatcgc 2177

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

ggccgcaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgcccag 60
 tggtaatcg ccctggcctt ggctgcctc cttgttgtgg acagggaaatg gccagtgccal20
 50 gcaggaaagc tcccttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
 tttccccaga tgtccaaacct ggtctgcggc actgtatggc tcacatatac gaatgaatgc240
 cagctctgct tggcccgat aaaaacccaa caggacatcc agatcatgaa agatggccaa300
 tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtca gttggagaaca gtgggtggca360
 tggagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga 402

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3552 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHEtISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

attnaatctt cattcttcta ctatccccaa tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctcccttcatc attagcctct 120
tacccttatt aatattttc cacaataata tagaatataat aattacaacc tggcaactgaa 180
tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaaataa gcttcaaaaac tgacttttc tctatcctgt 240
20 ttacatctgt agccctttt gtcacatgtat caattataca attcttctca tgatataatac 300
actcagacc 160 aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
ttatccctac 220 ctcagccaaac aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtggaa 420
ttatatctt 280 cctactaattt ggatgtatgtt acggacgaac agacgcaat actgcagccc 480
tacaaggaaat 340 cctctataac cgcacatcgag acatcggtt catttttagt atagtttgat 540
25 ttcccctaaa 400 cataaactca tgagaacttc aacaggat atttccaaac aacaacgaca 600
atctaattcc 460 actttaggc ctatataatcg cagctacagg aaaaatcagca caattttggcc 660
tccacccatg 520 actaccatca gcaatagaag gcccataacc agttcagca ctactacact 720
caagtacaat 580 agtagttgc ggaattttcc tactggtccg attccaccccc ctcacgacta 780
ataataactt 640 tattttaaaca actataacttt gcctcgaggc cctaaccaca ttatttacag 840
30 ctatTTGTG 700 ctccacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgccttctct acatcaagcc 900
aactaggcc 760 gataatagtg acgcttaggaa taaaccaacc acacctagca ttccctacaca 960
tctgtaccca 820 cgcatttttc aaagctatac tctttatatg ctctggctca atcattcata 1020
gcctggcaga 880 cgaacaagac atccggaaaaa taggaaacat cacaaaatc ataccattca 1080
catcatcatg 940 ccttagtaatc ggaaggcctcg ccctcacagg aataccatc ctaacagggt 1140
35 tctactcaaa 1000 agacctaattt attgaagcaa ttaataccgt caacaccaac gcctgagccc 1200
tactaattac 1060 actaatcgcc acttctataa cagctatgtt cagcatacga atcatttact 1260
tcgtaacaat 1120 aacaaaaccg cgttttcccc ccctaatttc cattaacgaa atgaccagg 1320
acctcataaa 1180 cccaatcaaa cgccttagcat tcggaagcat ctttgcagga ttgtcatct 1380
catataataat 1240 tccaccaacc agcattccag tcctcacaat accatgattt taaaaaccal 1440
40 cagccctaat 1300 tatttcgtat ttaggattcc taatcgcaat agaactaaac aacctaaccal 1500
taaaactatc 1360 aataaataaaa gcaaattccat attcatctt ctcaacttta ctggggttt 1560
tcccatttat 1420 tatttcaccgc attacaccca taaaatctct caacctaaggc ctaaaaacat 1620
ccctaactct 1480 cctagactgtt atctgggttag aaaaaaccat cccaaaatcc acctcaactc 1680
ttcacacaaaa 1540 cataaccaat ttaacaacca accaaaaagg cttaaataaa ttgtactttal 1740
45 tatcatctt 1600 aattaacatc atcttattat ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat 1800
ctcgataata 1660 ataaaaataac cgcacaaacaa agatcacccatc gctactacca tcatcaagt 1860
agcacaacta 1720 tatattgccc ctaccccaat ccctccttcc aacataactc caacatcatc 1920
aacctcatac 1780 atcaaccaat ctcccaaaacc atcaagatata attactccaa cttcatcatal 1980
ataattaagc 1840 acacaaatata aaaaaacctc tataatcacc cccaaatacta aaaaacccaa 2040
50 aattaatcag 1900 ttagatcccc aagtctctgg atattccatc gtatctatag cagtcgtata 2100
tccaaacaca 1960 accaacatcc cccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga 2160
tccaccaaaac 2020 cctaaaaacc ttaaacaacc aacaaacccaa ctaacaatata aacctaaacc 2220
tccataataa 2080 ggtgaaggct ttaatgctaa cccaaagacaa ccaacccaaa ataatgaact 2280
taaaaacaaaa 2140 atataattat tcatttttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat 2340
55 gaaaaatcat 2200 cggtgtatcattt caactacaga aacaccatc ggatccatga aaaacacacc 2400
cattatTTAA 2260 aattattaaac cactcattca ttgacctacc tgccccatcc aacatttcat 2460
catgtatggaaat 2320 ctttgggtcc ctcttagggat tctgcctaat agtccaaatc attacaggtc 2520
ttttcttagc 2380 catacaactac acatcgatata caataacagc cttttcatca gtaacacaca 2580
tttgcgaga 2440 cgtaaattac gggtgactaa tccgatataat acacgcaaaac ggagcctcaa 2640

tattttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcataatacat 2700
 ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta 2760
 taggctacgt cttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaacc 2820
 5 tcctatcgc catcccataat attgaaacaa ccctagtcga atgaatttga gggggcttct 2880
 cagtagacaa agccacccctg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta 2940
 tcgcggccct agcaatcggtt caccctcttc tcctccacga aacaggatca aacaacc 3000
 caggattaaa ctcagatgca gataaaattt catttcaccc ctactataca atcaaagata 3060
 tccttaggtat cctaattata ttcttaattt tcataaccct agtatttattt ttcccagaca 3120
 tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta 3180
 10 aacccgaatg atatttctta tttgcatacg ccattctacg ctcaatcccc aataaaactag 3240
 gaggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaataacctt ttccttcata 3300
 cctcaaaagca acgaaggcta atattccgccc caatcacaca aattttgtac tgaatcttag 3360
 tagccaacctt acttatctta acctgaattt ggggccaacc agtagaacac ccatttatta 3420
 tcattggcca actagctcc atctcataact tctcaatcat cttattttt ataccaatct 3480
 15 caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaaaac acgatcggtt 3540
 gacatataagg gc 3552

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 601 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt atttcttaaa cccacacaga 60
 gtaaggccag agcttagaga tgcctggcac agcatttctc atccaggatc acttcctcg 120
 45 tctttcttc ttgctggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct 180
 gaatggcagt cgcagggtta ttcaaaagtt ggagtctct caggaagtag gggagactgg 240
 attcccgact aatggaaattt tcactgtgat gtctgttgc tcagtgaaatt ttccagaaa 300
 gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgttgt ttgcggctgg 360
 cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcaat gcttaaatca tcatctgtat aatcctctag 420
 50 aggagctttt gtccctctgt atgatcccgat ttggtcaag actgagtttta gtaggtcaat 480
 gattgaattt tttttttttt tattgattga aactaattt gacaggggaa aagccacagt 540
 cagaccacag aagacagtga tcaccaggac ttgaaaagc atcatgctt agtagggta 600
 a 601

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2147 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 5 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```

25 agaaggggaa caaaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaaa ccacaaagct acaacactga 60
ccctctttt ttttgagac ggagtttgc tttgttacc caggctggag tgcaagtggcg 120
tgatcttgc tcactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcc 180
cccaagttagc tgggttata ggtgcccggc accagacccg gctaattttt tagttttagt 240
agagacgggg tttcacccg ttggccaggc tggctttaaa tgaccctt atttttaact 300
tggataacctg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gtttgaatg gtttgatttc 360
ccccactccc acaaactctg aagccagtgt ctatctact aaaaaaagag ttgttatataa 420
tatattaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
tctttttttt ttttaatccc cttctaatga atgaaactag gggatttca ggggacagag 540
atgggattttt tggatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
tggttggggc attttaaga tggctggcta ctcttgcctt ccctcatat aataaatttg 660
35 tcataactca gtaacatgaa ctgtccccctt gaggttagtt ttaataattt tgaatattta 720
aggtcttgc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
tgagctttctt gttgcaataa ctttggagga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggt 840
acttgactat atatgtgca tcttgcctt cccttcatat taatatttga taaagatttt 900
attttatgtaa aacttctaa agcagaatca aagctcctt tgggaaatg gcaagtctt 960
40 aggataggca agaccctgtt tgaatagtagtcaaaaggatcca cccgatggta gagaacacac 1020
tcgattaaaaa atgttaagct atctaaaaaa taaaatgtgc aagtcctcag gatggcacaa 1080
aacaagggtt aatgctttt ggggcacatt tcttagaggg cttgctgagt gtgtaaatati 1140
aatcgactttt tggattgtt acatgacttc tggacttca ttgaaaatct gcacaattca 1200
gttccagctt tggattactt cagttgaccc ttgtgaaggt ttttatctgt ttagaatggg 1260
45 tggattgtt gttttagcct attaaatttt tattttctt cactctgtat taaaagtaaa 1320
acttactaaa agaaaagagg ttgtgttca cattaaatgg ttttggtttt gttctttta 1380
gtcaggctttt ctgaacattt agatatcctg aacttagagc tcttcaatcc taagatttc 1440
atgaaaagcc ttcacttgc acccaaaccg gaggactt actgcctt ttctaaatgt 1500
tcaggaaaag cattggcagt tcagtctttt caaaatgagg gagaacacc tgcctgcctt 1560
50 gtaataacaa gactcagtgc ttattttta aactgcattt taaaattgg atagtataat 1620
aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtt tagttatagtt cttatctaa 1680
acatttata tttcccttctt ttggaaaaaa cctacatgt acaagccacc atatgcacag 1740
actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtttgc ggtgaattac aaaagtccag 1800
ccattatcat cctccgtgt tatttgaat gatttttt gtagatttt gttgcagtt 1860
55 tggtggtaga atatactata atatggatca tctctacttc tggattttt tatttattac 1920
tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacccctt ctttgcctgt aggtgtact 1980
gtatgtatgc atgcactttt tattatata ttagaaatct acagatctgt tttgtactt 2040

```

ttatactgtt ggataacttat aatcaaaaact tttacttaggg tattgaataa atctagtctt2100
actagaaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 623 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

30 cccacgcgtc cccggaaacg gcggcgccgg cgacaggacc gagggccctt agttgggtggg 60
caagtcgggg atccccagaaa gagaagcgtg acccgaaagc ggaaaacgggt gtccgtccca120
gctccggctt gccagtggc ttctaccatc atggacctat tgttcggcg ccggaaagacg180
ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gcccctgaacc gtgcctatgcg ggagctggac240
cgcgagcgcac agaaaactaga gaccaggag aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
gccaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggt ggcgcacccgg360
cgctatgtgc gcaagttgtt attgatgcgg gccaacatcc aggctgtgtc cctcaagatc420
35 cagacactca agtccaacaa ctcgatggca caagccatga aggggtgtcac caaggccatq480
ggcaccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540
cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aatttgtca tttgtatgatc600
ccgtgggtt tggggaaagtt tta 623

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 45 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

gccccgtataat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaaggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgac 120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgccta tgggatgaa gaaccagctc 180
15 gcggcttgc gagtggctgg ttccctgcag aagagcacag aagtgtgaa gccatgcaa 240
agtcttgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgtg 300
aaggctggga tcatacgagga gatgttagag gacactttt aaagcatgga cgatcaggaa 360
gaaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tcttggaaat tacagcagg 420
gccttggca aagcacccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga 480
20 gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc 540
cggtggcca cactcccgag cttagggctg cctacccccc tgggtgtgca cacactcctc 600
tcaagagctg ccattttatg tgctcttgc actacaccc tgggtgtgagg actaccattt 660
tggagaaggt tctgttgtc tctttcatt ctctgccccag gtttggat cgcaaaggaa 720
25 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt aggaaaaaaaaaaaaaaa 780
a
    781

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

```

50 gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgctcttga ggccgacgct agggggccgg 60
aaggggaaact gcgaggcgaa ggtgaccggg gaccgagcat ttcatgatctg ctcggtagac 120
ctgggtgcacc accaccatgt tgctgcaga gctgggtgtgt ctccggacac taccttctag 180
ggttttccac ccagcttca ccaaggcctc ccctgttgc aagaattcca tcacgaagaa 240

```

tcaatggctg ttaacaccta gcagggata tgccacaaaa acaagaattg ggatccggcg 300
 tgggagaact ggccaagaac tcaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
 taaaattgtat cagatggaa gatggttgt tgctggaggg gctgtgttg gtcttggagc 420
 attgtctac tatggcttgg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggctgtaat 480
 5 ttggccttag tatgtcaagg atagaattca ttccacctat atgtacttag cagggagtat 540
 tggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgtctca tgaacttcat 600
 gatgagaggc tcttgggtga caattgggtg acctttgca gccatggttg gagctggaat 660
 gctggtagca tcaataccat atgaccagag cccaggccca aagcatctg cttgggtgct 720
 acattctgtt gtgatgggtg cagtggtgc tcctctgaca atatagggg gtcctcttct 780
 10 catcagagct gcatggtaca cagctggcat tggggaggc ctctccactg tggccatgtg 840
 tgcgcccaact gaaaaggttc tgaacatggg tgcacccctg ggagtggcc tgggtctcg 900
 ctgtgtc tcattggat ctatgtttt tccacctacc accgtggctg gtgccactct 960
 ttactcagtg gcaatgtacg gtggattagt tctttcagc atgttcctc ttttatgatc1020
 ccagaaaatg atcaagcgtg cagaagtat accaatgtt ggaggtaaaa aatatgatc1080
 15 cattaactcg atgctgagta tctacatggg tacataaaat atatttatgc gagttgcaac1140
 tatgctggca actggaggca acagaaaagaa atgaagtgc tcaagttctg gtttctctgc1200
 tacatcaaattt atcttggta atggggcaga tatgcattaa atagttgtt caagcagctt1260
 tcgttgaagt ttagaaagata agaaacatgt catcatattt aaatgttccg gtaatgtatc1320
 gcctcagggtc tgccttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac1380
 20 acacattttc aattctcatg tttgagtgtat tttaaaatgt tttggtaat gtgaaaacta1440
 aagtttgggt catgagaatg taagtctttt ttctacttta aaatttagta gtttcaactgat1500
 gtaactaaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atattttttt ggagtgcaga atattgtatc1560
 taatgtcata agtggattgg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag1620
 tcttttgggtt tttaaataac ttaggaactt agcacctggg gttatttggta ttaggtgagg1680
 25 gagcccgta ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - 30 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

50 cccccccagc ccctgtctg aggcaccgag aaacgaggag gcccgtggcg agtctccacg 60
 tgggtacccg cgctctggc gcccgttagcc acccgcccg cggaaagccga catctcgagt120
 tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaacccaat aagctgcttc180
 55 gcctcggagc tgaagccgt actcaagatg gcccgtccgg gcccggctgg ccagtgacta240
 gaaggcgagg cgccgcggga ccatggcgcc ggcggccggac gagcggagtc cagaggacgg300
 agaagacgag gaagaggagg agcagtttgt tctggtgaa ttatcaggaa ttattgtatc360

agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaattg caaggaaaa ggcattgaca ctgagaggcc 420
 cattctgcaa gtggacagct gtgtcttgc tggggagttt gaagacactc tagggacctg 480
 tgtttatattt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgc 540
 aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa 600
 5 gaaggaagga gaagaaaaca tagtgtgggt ggaatggctg caaataaagg ataatgattt 660
 ctccatatcg cccaaatcg tttgttaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgg 720
 agtttcagcc ccagataaaat ctttggattt ggaagagggaa gagattcaaa tgaaccaccg 780
 gttcaaaccc gggtttggta acccattgacg ctttggaaat t 831

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 744 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 15 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

tgaagttcta agagcttcc aagtttggga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60
 35 tgagcatgaa cggaagtca cctttgtgcc ttatgcgttg atttaatga taggtgtcat 120
 atataggacg gagtaatctg ttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa 180
 cttaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagagtc ttacagcaac ccaacgtctc 240
 atcttcccat agtaaagatg acggcgcctt gaggttaagct acaggcaaca ccacttccgc 300
 gtttctcttg cggccctggc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tttgtctgag 360
 40 atccccgggtgc tgaagactaa cggccggaccc cgagatcggt agttgtgggt gcagcgactg 420
 aaggaggaat atcagtcct tatccggat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat 480
 tgggtccgac tggagtcac caagggaaactt actcggtgggt ttggaaaatg ctggtatatc 540
 catgacccctcc tggaaatatga gtttgacatc gagtttgaca ttccatcac atatccact 600
 actggcccccac aaattgcagt tccgtggactg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggttag 660
 45 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaaag aaagcctaa ggaagaactt cgtggcggga 720
 gggagagcat caggaagagt agct 744

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

tgcgacccga ggcgcccggc aagatggcg cgcgagtgtc gcgcgcgcgc ggaggcgctg 60
20 ggcggcgcgc ctccctgcgc gggcgcccc ctgcagcctc ctgcggcggc tccggacatg 120
gacatcttcc agcaacagat ctgcgagaaga cagctggcta aaatcttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa ttccttagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaattt cagtttcaca atgttaacc ggaatgccta gaagcataca aaaaaatttg 300
tcaagaggtt ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ctttactt tggtggggac 360
ttggAACACAG tggtatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420
25 ctatccagcc ctcacagaag tcatgttaaa actcagagaa aataaggaat ttttggaaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgccttcctc caggaagaat cagctcctgt tggagttca 540
tttctggaaat gagecctgtc caagatccgg acctaataat tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgaa tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagccg tggaggatt cttctctcag attggcage tgcataatgg 720
30 gcaccatctt tgggcttaca gggatctca gaccaggaa gacatacggg atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctggggg aattggata ttacacagtt ccacttattc aggaaatggg 840
atccagaatc atgatcccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgta gagttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgttaat taatttat tgcataatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatac ctttgagaa acctctttc 1020
35 tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgcacatgt 1080
ccttgcgtc ctctttgaaa caccgggtgt tgcgttgtt accttataac acttagccac 1140
ttctccccac cctccagaag ggtccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaaattt gcatatttt tactaaaaaa aaccaaaaaaa caaatctgt 1260
ttataatcac agattttttag acaaatttct tgcgttgtt agaaatacaat ttttgcata 1320
40 gtttctcaag cagttttct gatgttttgc tgaggagaa caaattacaa gtgtacccaa 1380
taactgaaaa tgcgttgtt cactcttatt tgtaagcgtt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggtt cattttatca gtaatcgtt ttcacatcat gtattgtat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaactgtt gtatcatatg tgatggaa 1560
atgaacaccc tgaatagcac taatttttat ttgtggatt tttctataac aaaacaatgt 1620
45 gctcttagaa aagagggtttt atttgtaaa cgatcatttgc tgacccatcaga cactctctgg 1680
ctaataattt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgggg ggtgggtcat 1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgtcat actttttgtc tagctgtttt attcatttt 1800
ttaatataatgt atgccaattt tgcgttgtt accatgtgaa agtccgtgtt aatgaacaa 1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgttgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt 1920
50 caaactttt catgtgaatg atttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctt 1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2017

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 856 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

25 cgcaagtgcgc aggcggtggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctggtggc 60
tctgtggcag cggcgccggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagc 120
ccgcgcgccc ttctccctgg agtaccgagt cttccctaaaa aatgagaaag gacaatata 180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagtgtqa 240
atgaccacgc tggtctaattt caaaaatggaa gattgttaca aaggaccctt taaaccctat 300
taaacaagat gtgaaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttgttcc cgtataaagg 360
atatatctgg aactatggt ccatccctca gacttgggaa gaccaggc acaatgataa 420
acatactggc tggtggtt gacaatgaccc aattgtatgt tggaaaattt gaagcaagg 480
atgtcaaga ggtgaaaataa ttggcgtt gattgttaca atatggcta tgattgacga 540
agggaaacc gactgaaaag tcattggcat taatgtggat gatctgtatc cagccaaat 600
taatgatatac aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaaagcta ctgtggactg 660
gtttagaagg tataaggttc ctgatggaaa accagaaaaat gagttgcgt taatgcaga 720
atttaaagat aaggactttc ccattgtatc tattaaaagc actcatgacc attggaaagc 780
attagtgtact aagaaaaacga atggggaaaag gatcatgtt attgttcaac ttttcgttgg 840
gccccctaaaaa gttgtgc 856

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 540 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

10 gcatagacaa agggcctcaag aatcgcgcaag gcgcaattgt gccctgggtc gccaagatgt 60
 cgttccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcactctgcc tgagaccctc gaccgcgg 120
 aataacaat atctccggaa accccggcggg cgcaagcgag cggttggcca taagagcccc 180
 gctgaaacga gagtacctgc ttcatgtaca cgatcccaac cgccgaggc tcatcgaaaa 240
 tcctgccttg ctgcgtggg cctatgcaag aacaataaaat gtctatccta atttcagacc 300
 cactcctaaa aactcactca tggagctct gtgtggattt gggcccctca tcttcattta 360
 ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga 420
 15 tcgaacattt cacctctcat attaagtctg gcaatgtatg cttatgtat tcctgcctaa 480
 ataaatcatc tattaatcat taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagtgc 540

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1912 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

tgtgtgaggc ccaacacgg aatcatcgat gcagggccct gaattaatgt atctgtatgt 60
 ttacaggcatt tcgattatga tcccaatgag aaaagttaaac acagggttatg gttcagtctta 120
 45 tggttgtctcc aactgacact tcagatgtgg aaggcgtatg gaaggaggca aaaccggaaag 180
 accttatggaa ttcaaaaactt agatgtgtgt ttgaatttgcg acgagagaat gataaaccac 240
 atgatgttaga aataaataaa attatatcca caactgcatttca aaagacagaaa acaccaata 300
 tgcataagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaaatg taagaagggtt atggaaagaaat 360
 50 gtaagaggct gcaagggtgaa gttcagaggc tacggggaggaa gaaacaggatg ttcaaggaaag 420
 aagatggact gcggtatggg aagacagtgc agagcaacag ccccatatca gcatggccc 480
 caactggggaa ggaagaaggc ctttgcaccc ggcttggc tctgggtttt ttgttcttta 540
 tcgttgggtt aattttggg aagattgcct tggatggatg gcatgcacatg gatggtaaat 600
 tggattgggtt gatccacatc atcatgggat ttaaaatttt cataaccatg tgtaaaaaaga 660
 aattaatgtt tgatgacatc tcacaggctt tgcctttaaa ttacccctcc ctgcacacac 720
 atacacatg acacacacac aatataatg taacgatctt ttagaaagtt aaaaatgtat 780

agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaaggaaaa ccatgagtaa 840
 tgccacaatg gcatattgt aatgtcattt taaacattgg taggccttg tacatgatgc 900
 tggattacct ctctaaaat gacacccttc ctcgcctgtt ggtgcgtggc cttggggagc 960
 5 tggagcccag catgctgggg agtgcggta gctccacaca gtagtcccc cgtggcccac1020
 tcccggccca ggctgctttc cgtgtctca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac1080
 tcatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgct1140
 ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga cccagcgcctt tggaaataaa tggcagtgt1200
 ttgttcactt aaaggacca agctaaatgtt gtattgggtc atgttgtaa gtc当地actgt1260
 tattcagaga tggtaatgc atatthaact tatttaatgtt atttcatctc atgtttctt1320
 10 attgtcacaatg gactacaggta aatgtcgt gctgctgaac tctgttgggt gaactggat1380
 tgctgcttggg gggctgtggc ctcctgtc tctggagagt ctggcatgt ggagggtggg1440
 ttatttgggg tgcgtggagaa gagctgcggagaa gaaatgggttt ttctgggtca gtaaataaca1500
 actgtcatag ggaggaaat tctcgttgcgacatgtcaac tcttaggttac ct当地ttttaat1560
 15 gaagagatgt cagtcctcta gattgttctt ataccaccc tcaaccattt ctcacacttc1620
 cagcgcggccag gtccaaatgtctt gggctgtggc tccccttggg gacctagcct ggagtcaagg1680
 caaatggatc gggctgcaga gggtagaaag cgaggccacc agcagggtgt gggtggggagc1740
 aaggaaagag agaaactt cagcgaatcc ttcttagtact agttgagatgt ttgactgtgal800
 attaatttttta tggccataaaaa gaccaacccca gttctgtttt actatgttgc atcttgaaa1860
 20 gaaaaattat aataaagccc caaaaatataa aaaaaaaaaaaaaa aaaaataact gc 1912

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:
- 45 tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tatttttttt tatgttaat 60
 accatgggac aggattgtaa ggatggaaaa ctcagtcaac aactgcctca caagggataa 120
 gaaaaattctt gccatgtat tagcaaaggta aaggaggaa aaatttacac tggtaagaggc 180
 50 accatttccc caaggaatac ctcttggcat ttccctgaatg agtgggattt gcaatctaaa 240
 taaatcatat ttcaagaggt aacagcaaca gataaaatgtt aaaggattt taaaataaac 300
 atttacaaga ctctgaacaa ttcttgaact ctttattttt ccacaaagaa agaacaattt 360
 ttttattttatg aatttcataa aggactcaat gtgcactgtt catctgttag tggatgtctg 420
 gtaatataaca acctgtccag tagccgaaca gtttgggtt attgtgtttt ctaaccgtaa 480
 55 gagatcatta aaggcaaaagc ctatatgacg ctgtacacac aaaaaaaaaa ggatgtggg 540
 ccataactacc aatgaaatgg taggtttttt aatcttttc tggcaagag aaaaaaaaaa 600
 aaaagaaaaca gcaactctgca tgcttcactc tacaagatgtt atttccctgtt aaaaatcca 660

atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactggtgac attatctctg 720
 aaggatgcag ttgaggttga tccaggtta tccgaatgtg ctacccctt gaggcttaaa 780
 ctttcatctc tcaggtcccg atttcttct gatagcttca tcatttctcc ctgaagtctt 840
 5 ttacactctt ccattagttt ccttgcgtg gtatcattaa gtgaaacact gtgtgggtt 900
 gcataggtc catcttgcctt agatgcattc agtggAACAG ctttgcgttgg ttccatata 960
 ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcattc tcaatttggaa atccattaa 1020
 tcattcaggtt ttgcctctt ccacacagct tccatatactg aagtgttgg tggagcaa 1080
 attgtctgtt ccataaactt gtgttactc ttttcatcg gatcatagtc aaaggcgtt 1140
 10 agcattactt aaacagtccac agtgaccctt gggtaataa ttccactgtt gggcctcacal 1200
 cagtaccggc gaggtgcgtt agtcttcaactt ttgaaacaca ctttctatc cgatggattt 1260
 cgcaatttaa gatttgttagt gactacatctt gtgaaggggc ctttgaattt gaggtctgtt 1320
 ggccgatcga ggaccaggat ctgtctgtt tcgcctatggc ccctgaggcg gacgccatcg 1380
 gagagacaggc gcagagcagg gggcggcttgc ttcgcgtggg gcgggggacg atggcgagag 1440
 15 gggagggggg gcgagtcgc atctcttctt ttccctggta gactctgtt aaccacattc 1500
 ttatgttggc agatctgtt ccagattgtt ttttagagca ccatcactt cacattcctg 1560
 attctgattt tggtttttt tggttgggtt ttctgaaactt taaaatgttccccggaaat 1620
 actatatttt tgagtttggtt ttctgaaagc ctccgtgtt ctggatctt ggggggaaat 1680
 acaggatctt tcagactga ggtttaag atttgcactt agcaatgcaaa tttttctaa 1740
 20 atatggggat atttacctt attaagaatataactaaac attgtatgttcc ttgatcattt 1800
 tatgttctca tattactttt gattctacta tgattgtgtt gtggtaaca aagatcattt 1860
 caaacaaaaaa ctgtatattt gttatattt attcaatgga atttacctaa aaaataaaga 1920
 cttttttttt gaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aa 1962

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1458 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

50 cggctcgagc ggctcgagat tcgagggtcggtt ggtggcttgg gaagagcgtc gaggggcccg 60
 tggacgttga atggggcccgag gagatggatt tgattctcggtt ggccaaacgtt aatttgtatag 120
 gcatagtggaa agtgatagat ctggccttggaa gcacgaggac aaacgtgggg gtagcggatc 180
 tcacaacttgg ggaactgtca aagacgaatt aacagatcc cccaaatata ttccagaaaca 240
 aatatcttat aattacagtgc atttggatca atcaaatgtt actggggaaa cacctgaagg 300
 tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagtgc aagaggtaaa 360
 55 agaggagggtt cccaaagaga tgactttggaa tgagtggaaag gcttattttt aataggaccc 420
 ggcggaaatgtt gaaatttaataa tccggaaacc aatgaagggtt gctgtatggc agtggaaaga 480

5 gggatttgtt cttcataaaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
 ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttggaga 600
 ccttggccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtggc gtggtggcg 660
 cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtcttct gtcctgatg tggatgacc 720
 10 agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tccttggta 780
 acccttctgt tcaaagctt tgcatgcta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
 aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg tttaaaaat 900
 gaacttctcc cgctacacag aagaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
 attggtagca gggatgttt cataatttc agagattatg cattttcat gaatacttt 1020
 15 gtattgctgc ttgcaaataat gcattccaa acttgaataa tagtgtgaa cagtgtgtac 1080
 cagttaaag ct当地acttc atttgtt ttaattaag gatttagaag ttcccccaat 1140
 tacaaaactgg ttttaataat tggacatact ggttttaata cctgcttgc atattcacac 1200
 atggtaact gggacatgtt aaactttgtt ttgtcaaatt ttatgtgtg tggaaatact 1260
 actatatgtt ttttaactt gtttaataat tttcattttt gggaaaaat ctttttcac 1320
 ttctcatgt agctgtata tatatgtct aaatctttaat atacagaaaat atcagtaact 1380
 20 gaacaattc aaaagcacat ttggtttatt aaccctggc tgccctggca tggggccat 1440
 ttgggtcataattataa 1458

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2188 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

 (vi) HERKUNFT:
 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

45 gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc ccctgcaacc 300
 ccaaccctcc cccacccccc cccctacaag tcacctgtt aagccaacct gaattctact 360
 cacctggcg tggaaatgtat tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatgg 420
 50 gttatggagg ttttgatgac tatggtggtt ataataatta cggctatggg aatgtatggc 480
 ttgtatgacat aatgagagat ggaagaggtt tggaggaca tggctatggt ggagctgg 540
 atgcaagtcc aggtttcat ggtggtcatt tcgtacat gagagggttg cttttcggt 600
 caactgaaaa tgacattgtt aattttttt caccactaaa tccaaatacga gttcatattt 660
 atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagttgtg acacatgaag 720
 55 atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactt 780
 tcttgaattc tactcctgga ggcggctctg gcatgggagg ttcttggatg ggaggctacg 840

gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatca gtggaaatg ggaatgggga 900
 acaattacag tggaggatat ggtactcctg atggtttggg tggttatggc cgtgggttg 960
 gaggcagtgg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtgg aggtggatgg cgtgggatgt 1020
 actgaaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggct actagacttt 1080
 5 cttagcatt taatttcttt tgatatttaa gaactttata atgactgaag gaatgtgtt 1140
 tcaaaatatt atttggtaaa gcaacagatt gtatgggaa aatgtttct gtatgggtt 1200
 ttgtgcata ctttgactta aaaataaatt ttatattca aaccactgtat ttgataactt 1260
 ttatataact agttactct aaagatgtgc tgccttcata agattgggt tgatgtattt 1320
 tactattatgt tctacaagaa gtatgtgtt gtaatttttag aggataatgg ttcacctctg 1380
 10 cgtaaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagatctg tgacaaataa ttatgttaac 1440
 tttttcttt agttccctt ggacaacact gtaaatataa agcctaaga tgaagtggct 1500
 tcaggagttt aaattcagct aattattttt atattattat ttttcaatgt tcatttatca 1560
 ggcataagctc tgaacattt atgatctaa aggtattgtat ttctgaatat tcataattgt 1620
 gttacctggg tatgagatgt ttgaaagctg aattcttagcc ctatgtttt gataaaacc 1680
 15 ctttcagcac ttgaccggaa taccaaaaat gtctccaaaa aattgatagt tgcaaggat 1740
 cgcaagatgt cttagatgtt ggttaaggtt ctatgtaca caagaattca gatataagta 1800
 cataggtatt tactatggag tataattctc acaattgtat ttctatggg ctgcccaata 1860
 gagtttaaat aactgtataa atgatgactt taaaaaaatg taagcaacaa gtcatgtca 1920
 tagtcaataa aaacaatctt gcagttgggt ttgtatctg atccctgtt ggagtttag 1980
 20 tttaaagaat ctatatgttag caaggaaaag gtgcctttt attttaatcc ctttgatcaa 2040
 tatggctttt ttccaaattt gctaatggat caaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt 2100
 tattgaactt gttactgtt ttgcccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat 2160
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2188

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iv) ANTI-SENSE: NEIN
 - (v) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vi) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:
- 50 ctcgctagtt cgatcggttag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
 caccggccgc gcccggctag ttaccatcac accccggag gggccgcgc tgccgcagcc 120
 ggccccagtc accatcacccg caaccatgag cagcgaggcc gagacccagc agccgccccgc 180
 ggccccccccc gggcccccccg ccctcagcgc cgccgacacc aagccggca ctacggcag 240
 cggcgcaggg agcggtggcc cggcggcct cacatcgcc ggcctgccc gcggggacaa 300
 55 gaaggtcattc gcaacgaagg ttttgggaac agttaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
 tggtttcattc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420

gaagaataaac cccaggaagt accttcgcag tgttaggagat ggagagactg tggagtttga 480
 tgggttgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaattttt acaggtcctg gtgggtttcc 540
 agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
 gggtcctcca cgcaattacc agcaaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
 5 gggatcggag agtgcctccg aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcagggcgaag 720
 gtcccacct tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
 tgtgcaggggaa gaagtgtatgg agggtgtcga caaccaggtt gcaggagaac aaggtagacc 840
 agtgaggcag aatatgtatc gggatatacg accacgatc cgcaggggcc ctccctcgcca 900
 aagacagccct agagaggacg gcaatgaaga agataaaagaa aatcaaggag atgagaccca 960
 10 aggtcagcag ccacctaacc gtcggatcccg cgcgaacttc aattaccgcgac gcagacgccc 1020
 agaaaaaccct aaaccacaag atggcaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaal 1080
 ttctgtccgt cccgagggctg agcaggggcc ggctgatggaa atgcccgtt accatctctall 140
 ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaaatgtaa attccagcaa taagaaaatgal 1200
 15 acaaaaagatt ggagctgaag acctaaatgtt cttgcctttt gcccgttgac cagataaaatal 1260
 gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttataa tttttaccta aagacgtctcl 1320
 ttttttgtaa taacaaacgt gttttttaaa aaaggctgtt ttttctcaat acgccttaa 1380
 aggtttttaa attgttcat atctggtaa gttgagattt ttaagaactt catttttaat 1440
 ttgtataaaaa agtttacaac ttgatttttt caaaaaagtc aacaactgc aagcacctgt 1500
 taataaaaggt cttaataat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggatat 1548

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iv) ANTI-SENSE: NEIN
 - (v) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vi) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:
- 45 ggaccgccttc cccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgccttcgc 60
 tgccggggctt ggtgatttggaa gggaaaccccg tggctgcacgg agggctgttag cctgtgagca 120
 gcgagatcca gggacagagt ctcagcctcg ccgcgtctgc cgcgcgcgc gcccagagac 180
 tgctgagccc gtccgtccgc cgcaccacc cactccggac acagaacatc cagtcatggaa 240
 taaaaatggaa ctgggttcaga aggcacaaact ggccgagcag gctgagcgtt atgatgacat 300
 50 ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccatgtt aggagaggaa 360
 tcttcctctca gttgcttataaaaatgttggt aggagccctt aggtcatctt ggaggggtcg 420
 ctcaagtattttaaaatggaa cggaaagggtgc tgagaaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
 cagagagaaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcattt gatgtactgtt ctcttttggaa 540
 aaagttcttg atccccaaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatgt 600
 55 aaggagatattttaaaatggaa cttaccgttac ttggctgagg ttggccgtgg tgatgacaag aaaggatttgg 660
 tcgatcgttc acaacaagca taccagaagc cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcac 720

caacacatcc tatacgtactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780
 tgaactcccg cagagaaagc ctgcctcttt gcaaagacag ctttgatga agccattgct 840
 gaacttata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
 agagacaact tgacatgtg gacatcgat acccaaggag acgaagctga aycaggagaa 960
 5 ggaggggaaa attaaccggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa tttacacagt1020
 agaccatttg tcattccatgc tggcccacaa atagttttt gtttacgatt tatgacaggt1080
 ttatgttact tctatttgaa ttcttatatt ttccctgtgg gttttatgtt tagttttggg1140
 ggatgttaggg ccagtttaac gtttggggag ttgtctgtt ttgcgtctt gaggggtggg1200
 10 ccagtatggg ggggtgttgg gatttttgtt taccagttt tgaggtgtt ttgg 1254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 954 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:
- 35 cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttcttttttttttttgtga gagcagggtc 60
 actttattgg tatagagact gcagaggac caggggctt agctgtggc agctatggg120
 tccttaatcc agtccacata gtgttagacc ttgggttaga ctccaggcct gttttctgg180
 gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacagggcca240
 40 ccagaatcac cctggcagga atccttgccct ccctcgagga agccacacaca gaacatgtg300
 ttggtaatct ttccaggta ggaggcttca cactcaggct ggctcagcac aggagcatcc360
 aggcaactgca gtcgtctgg gtgttggcc ccagaactca gagtttgcc ccagccggag420
 atgagggtat cggtggcagc agtggggac ggatgtggca gagatggc ggacacggcg480
 gaatttgatca cggcaggatgtt atcagcagga tgcattgtc cagagtccgg540
 45 ctgttgtatt tggggggcg gatgtatgtt ggcgcattga tgaactgttc attccccctcc600
 aggacttoga tgggtgtctc tcccaacttc acctggatgc gggacttga gcagtgacct660
 gctgacacca cccactgttc gctgtatgggg gagccacccgc agaagtggta gccagaattc720
 aaggacaccc ggtggggac agaattctcc tcacagatgt agcccccaac gatcttgc780
 50 tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcg aagtagatc840
 atgggtgttag agtgtgcctg attgtgtgt gagaacccgt ctttatactt cccgaggatg900
 gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgctccctc ccagcacaaa caca 954

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2213 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

	ggcgaggcccc	ccgggggtcg	aggcctgcct	ctccgagagc	tcctggcgcg	gccgtcccg	60
	cccggggccc	caggtgcgct	tcccctagag	agggattttc	cggtctcg	gcaagaggaa	120
	caaccaggaa	cttggggctc	agtctccacc	ccacagtgg	gcccgt	cccgataag	180
25	acccgtgtc	tggccctgag	tagggtgtga	cctccgcage	cgcaaggag	gagcgcagcc	240
	ggcctcgaag	aacttctgct	tgggtggctg	aactctgatc	ttgaccta	gtcatggcca	300
	tggcaaccaa	aggaggtact	gtcaaagctg	cttcaggatt	caatgcct	gaagatgccc	360
	agacccttag	gaaggccatg	aaaggcctcg	gcaccgatga	agacgcatt	attagcgtcc	420
30	ttgcctaccg	caacaccgcc	cagcgcagg	agatcaggac	agcctacaag	agcaccatcg	480
	gcagggactt	gatagacgac	ctgaagtcag	aactgagtg	caacttcgag	caggtattt	540
	tggggatgt	gacgcccacg	gtgtgtatg	acgtgcaaga	gctgcaagg	gccatgaagg	600
	gagccggcac	tgatgaggc	tgccataattg	agatcctggc	ctcccgacc	cctgaggaga	660
	tccggcgcac	aagccaaacc	taccagcagc	aatatggacg	gagcctgaa	gatgacattc	720
	gtctgcacac	atcggtcat	ttcagcggag	tgctgtgtc	tctgtcagct	gttgggaggg	780
35	atgaagaaaa	ttatctggac	gatgtctcg	tgagacagga	tgcccaggac	ctgtatgagg	840
	ctggagagaa	gaaatgggg	acagatgagg	tgaaaatttt	aacttgttc	tgttcccgga	900
	accgaaatca	cctgttgcac	gtgtttgt	aataaaaaag	gatatacag	aaggatattt	960
	aacagagttat	taaatctgaa	acatctggta	gttttgaaga	tgctctgc	gttatagta	1020
40	agtgcatgag	gaacaatct	gcatatttt	ctgaaaagct	ctataaatcg	atgaaggct	1080
	tgggcaccga	tgataaacacc	ctcatcagag	tgatggttc	tcgagcagaa	attgacatgt	1140
	tggatatccg	ggcacacttc	aagagactct	atggaaagtc	tctgtactcg	ttcatcaagg	1200
	gtgacacatc	tggagactac	aggaaagtac	tgcttgc	ctgtggagga	gatgattaa	1260
	ataaaaaatcc	cagaaggaca	ggaggattct	caacactt	aatttttta	acttcattt	1320
45	tctacactgc	tattatcatt	atcagaat	gttatttcc	aattaaaacg	cctacagctg	1380
	cctccttagaa	tatagactgt	ctgtatttt	attcacatat	aattagtcat	tatgtgctt	1440
	taaagctgt	cttgcatttc	aaagcttata	agatataat	ggagatttt	aagtagaaat	1500
	aaatatgtat	tccatgttt	taaaagatta	ctttctactt	tgtgtttcac	agacattga	1560
	tatattaaat	tattccat	tttctttca	gtaaaaaatt	ttttaatgg	aagactgttc	1620
50	taaaatcact	ttttcccta	atccaaat	tagagtgc	agttagttct	tcatttga	1680
	ttgtaaagcat	ccggtcagta	agaatgccc	tccagttt	tatatttcat	agtcaaaggc	1740
	ttgaaagcat	ctacaatct	cttttttag	gtttgtcc	tagcatcagt	tgatccttac	1800
	taagttttc	atgggagact	tccttcatca	catcttactgt	tgaaatca	ttctgttagt	1860
	aaagtatacc	aaaaccaatt	tatctgaact	aaattctaaa	gtatggtt	acaaccat	1920
	tacatctgg	taccaaacat	aaatgctgaa	cattccat	tattatgtt	aatgtctta	1980
55	tccagcttg	aagtgaatgg	aaaaaaaaat	aagcttcaaa	ctaggttac	tggaatgtat	2040
	gtaatgctct	gaatttagta	tgatataaag	aaaactttt	tgtgttaaaa	atactttta	2100
	aaatcaattt	tgttgattt	agtaatttc	atttgactg	tgcccttcaa	ctccagaaac	2160
	attctqaaga	tgtacttgaa	tttaattaaa	aagttcaactt	tgtaaaaaaa	aaa	2213

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2878 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

```

cctcgtgcag gtgcaccgct tggtcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60
tccatgggc aacaaacaga tcacaaggta cctaattgaa tgtcgagatg aatataaata 120
taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180
30 tcttcaccta ggcgactcaa tggaaatggg cttaaactac atggctgtgg catttgctat 240
gcagtttagta aaaatcctgc tggtgatga aaggagtgtt gctcatgtta ctgagggcaga 300
tctgttccac accattgaaa ccctcatgag gattaatgtt cattccagag gcaatgtcc 360
agaaggattg ccccagctga tggaaatgtt gcatccaac tatgaagcaa tgattgtatcg 420
tgctcatggaa ggcccaaact ttatgtatca ttctggatc tctcaagcct cagagtatga 480
tgaccctcca ggcctgaggg agaaggcaga gtatcttcg agggatggg tgaatctcta 540
35 ccattcagca gcagctggcc gcgcacgtac caaagcttc tctgcatttg ttggacagat 600
gcaccagcaa ggaataactga agaccgatga tctcataaca aggttcttc gctctgtgtac 660
tgaatgtgt gttgaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atcctgctgc 720
caatcccacc atgatccgag ccaagtgtca tcacaacctg gatgccttt ttcgactcat 780
40 tgcactgctc gtgaaacact caggggaggc caccaacact gtcacaaaaga ttaatctgct 840
gaacaagggtc ctggatatacg tagtggagtt tctccttcaag gatcatgtatg ttctgtcagag 900
tgaatttcag caacttccct accatcgaaat ttttatcatg ttctctttg aactcaatgc 960
acctgagcat gtgttgaaaa ccattaattt ccagacactt acagctttt gcaatacatt 1020
ccacatcttgc aggccttacca aagctctgg ctttgtatat gcctggctt aactgatttc 1080
45 ccateggata tttattgcaaa gaatgtgtgc acatacgccca cagcagaagg ggtggcctat 1140
gtatgcacag ctactgattt atttattcaaa atatttagcg cttttctta gaaatgtggat 1200
actcacaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgtgc ttgttcttt 1260
gcatgatttgc ccagaggatcc tttgtgatca ccattatggg ttctgtgtatg tgatcccacc 1320
taattgtatc cagttaaagaa atttgcattt gatgtgcctt ccaagaaaca tgaggctccc 1380
50 cgacccttc actcctaattc taaagggtgg catgttgatg gaaattaaca ttgtccccgg 1440
gattctcacc aatttcactg gatgtatgc acctcagttt aaaaaggatt tggattccct 1500
tcttaaaact cgatcaccatc tcacttccct gtcgtatcg ctcataatgc cactgggtgtct 1560
aatgaacctg ggaatcgcta caacccatcg ctcataatgc cactgggtgtct ctatgtcggg 1620
actcaggccta ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact 1680
cactcagcac acatggatataat cttccagaat ttggctgtgg acttggacac tgagggtcgc 1740
55 tatctctttt tgaatgcaat tgcaatcgatc ctccggatcc caaatagccca cactcactac 1800

```

ttcaagttgca ccatgctgta ccttttgca gaggccaata cggaagccat ccaagaacag1860
 atcacaagag ttctcttggc acgggtgatt gtaaaataggc cacatccctg ggtcttctt1920
 attaccttca ttgagctgat taaaaaccgc gcgtttaagt tctggacca tgaatttgta1980
 cactgtgccc cagaatcgaa aaagtatttc cagtcggtcg cacagtctg catgggacag2040
 5 aagcaggccc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagg agacgaaact gcatctctgt2100
 tgtacgtgtc agtctagagg tctcaactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
 tcagcttcc ctgactttcc cagccctttg gtttggggat atctgccccca actactgtt2220
 ggtcagccct cctgttctat gtgggcacgt tccaaaggaaat aaatgcattt ttttactct2280
 10 tgccaaaaat ttagaagatg ctgttaat cattttgaac ttgtgttaaat acatgaaaga2340
 gaaaaaccctt tgcgtggaaac ttcttggctt tgcgtcaagg ccgttccagg caagtacata2400
 aactggtacc ttgttaatggaa gaggcagtcg atgcccatttgc tttgtcttag ggcatacgctc2460
 catgtcttctt gacattccctg gtgtcccaaa gaatagcaaa aagccagttt gaatattatg2520
 taacttattt ttttaatgtg gacaggggac cttgaaaatc actaagttttaaaaatgtg2580
 gatgtgcttag aattggatata tgcaggaaac atgggaaaggcttactacttgc gaatcccattg2640
 15 agtttccattt ttgtctctac cccaaacgtat tccaaagctg actgcatttgc taccatctta2700
 tttcttttgg ggattataaca cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctcttataaaag2760
 gaaaaaccaga ccaggccctaa agcccacccc ctaccctcac cccccccaca atccctctct2820
 gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttagg gaaaggaaac cccaaacccgc attaatttgc 2878

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

45 atgatattttt ggatgttagtc ttttgattgt taaaatctta aaaagtaatg ggatcttttgc 60
 acactggggat atgttttattt tttatgtgtg caaattttaa ccatatttttctt ttcttagttta120
 agaggaaaaaa gcaagttgtt ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaaagaca ggtgagactt180
 cgagagccctt gtcatttttctt aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
 ttggggaaaat gaggtacgtt agtgcgtcgat tttttaaagg caaagtgttta attgtatatta300
 50 gagaatattt gatggatccctt gaaggtgaaa tggaaaccagg aagaaaaaggat atttctttaa360
 atccagaaca atggagccag ctgaagggaaac agatttctgtt cattgtatgtt gcagtaagaa420
 aactgtaaaaa ttccgagccat ataaataaaa cctgtactgtt tcttagttgtt ttaatctgtc480
 tttttacattt ggctttgtt ttctaaatgtt tctccaagctt attgtatgtt tggattgcag540
 aagaatttgtt aagatgataa cttttttta atgtgcattt taaaaatataat tgagtgaagc600
 55 taattgtcaat ctttatttaaag gattactttg tctgcccacc acctagtgtt aataaaaatc660
 aagtaataca atcttaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
5 (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

25 gttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaaag cttttattac cacagaggaa 60
atcaggaaat gctggaggca gcctcggttag ctgtgtgatc agggagggga cagcaggcgg120
30 gaacccgtca tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa caggtttttg ttggttcaggaa180
gaggcttttg ctgggcgtgt tggtgtatc atcaggaaagg tcagcctcaa caaatgggct240
tcttccttggaa cataggacag ccagaatcg ggacaccagc tgcacagaca ccacctaataa300
atggaaatca aatttaggttc attacatcg gaagtacatt tcacccgtat cataaaagag360
35 ggacaaggaa gcactggct ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420
gttaaacatt ggcagggcct ttccccttagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480
gcttgtaaaag cttttgttat ctttgtatc tggttattatt tggattttga acgaaattga540
tggagtacga gccggtagag gaatcctgtt tgatctggaa atttccgtg gagagccaa600
aaggtcggag aaccaagttc ccaagatctt ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660
40 tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggtt atctcataca agcttctctt gcttgatgtat720
ttgatgaagg ttccccctt ctgtcccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780
45 gcatttcctgt atttcctctg tggtaataaa agtttc 817

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
45 (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 922 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
5 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

25 ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcatccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccgcccg cgccctctcc gcccggcg actccggcag ctttatcgcc agagtccctg120
aactctcgct ttcttttaa tccccgtcat cggatcaccc gcgtgccccca ccatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaaatcac caccaaggac taaaaggaga agaaggaa240
tgtggaaagag gcagaaaaatg gaagagacgc ccctgcta ac ggaaatgcta atgaggaaaa300
tggggagcag gaggctgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
30 aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacggcaag cgggcagctg420
aagatgtatg ggtatgcgt gtgcatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaaa ggaaaggtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgaccta ttcacccctcc540
acttcccgtc tcagaatcta aacgtggtca ctttcgagta gagaggcccc cccgccccacc600
35 gtgggcagtgc ccacccgcag atgacacgcg ctctccacca cccaaacccaa accatgagaa660
tttgcacacag gggagggaaa aaggaccaa acttccaagg ccctgttttt ttctttaaaa720
gtactttaaa aagggaaattt gtttgatgt tctatataa tttgatagtg ttgtacatat780
tgtaggggtt caaccattt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcgttc840
tctggcctac ttctggactt ttacgttggt gggttgttga ccatgttcaa ttataatccc900
aaaaggggaa aaaaaaacct tt 922

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 870 Basenpaare
45 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

15

```

ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggccgg acggcagcgc 60
gtgccccgag ctctccgcct cccccccgccc gccagccgag gcagctcgag cccagtcgc120
ggccccagca gcagcggcga gaggcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggAACGCC180
tacatcgaca acctcatggc ggacgggacc tgcaggacg cggccatcggt gggctacaag240
gactcgccct ccgtctggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cacGCCAGCT300
gagggtgggt tcctgggtgg caaagaccgg tcaagttttt acgtgaatgg gctgacactt360
ggggccaga aatgttcggt gatccggac tcaactgctgc aggatgggaa atttagcatg420
gatcttcgta ccaagagcac cgggtgggccc cccaccccca atgtcactgt caccaagact480
gacaagacgc tagtccctgct gatggccaaa gaagggtgtcc acgggtggttt gatcaacaag540
aaatgttatg aaatggcctc ccacccctcg cgttcccaact actgaccctcg tctgtccct600
ccccttcacc gctccccaca gcttgacc ccttccctcc ccatacacac acaaaccatt660
ttatTTTttt ggccattacc ccataccccc tattgtgtcc aaaaccacat gggctggggg720
ccagggtctgg atggacagac acctccccc accatatacc ctccctgtg tggttggaaa780
acttttgtt ttgggggtt ttttttctg aataaaaaaag attctactta aaaaaaaaaa840
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagggggggg 870

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```

ataaaagagg aaagagtgcc caggtctca ctccactgctg actgcagaac tcagagctgc 60
tcttcctctg tggccagtgg gggaccagca tcataaagtgc gatgggtgt gtcttggct 120
gcctccagct cttggaggca gcagtggtca aagtggccct gaagaaattt aagtctatcc 180

```

5 gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttccct gaggaccac aagtatgate 240
 ctgcttggaa gtaccgcctt ggtgaccta gcgtgaccta cgagcccatg gcctacatgg 300
 atgctgccta ctttggtag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggtcctt 360
 ttgacaccgg ctccctcaac ttgtgggtgc cctctgteta ctgcccagac caggcctgca 420
 ccagtcaactc cccgcttcaac cccagcgagt cgtccaccta ctccaccaat gggcagac 480
 tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca cccgcttctt tggctatgac accctgactg 540
 tccagagcat ccaggtcccc aaccaggagt tcggctttag tgagaatgag cctggtagca 600
 acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgt ctgtccgtgg 660
 atgaggccac cacagctatg cagggcatgg tgcaggaggg cgccttacc agccccgtct 720
 10 tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtc ccagcggggg agcggtqtc ttgggggtg 780
 tgatagcag cctgtacacg gggcagatct actggcgcc tgcacccatg gaactctact 840
 ggcagattgg cattgaagag ttccatcg cccggccaggc ctccggctgg tggctcgagg 900
 gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgtctc tgcctccatg cagtatgca 960
 gtgctcttct gcaggccaca gggggccagg aggtatggta tggacaggat tctgtgaact1020
 15 gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga cttcatcat caatgtgtg gagttccctc1080
 tggccacccctc ctccatatc ctcagtaaca acggctactg caccgtggg gtcgagccca1140
 cttacctgtc ctcccagaac ggccagcccc tgcggatcct cggggatgtc ttccctcagg1200
 cttactattc cgtetacacg ttggcaaca acaggttagg ctttgcact gccgcctaga1260
 cttgctgtctt cggacacgtgg gctccctct tcccttttgc cctgcaccc cctagggcat1320
 20 tgtatctgtc ttccactct ggattcagcc ttcttttctt ggactctgga ctttctcta1380
 taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaaaaaaaaa 1418

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1712 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

50 gtggcagaaa acctcatgac acaaactctc cgcctccctg tgggtggta ggatgtctgc 60
 agcagcattt aaattctggg agggttgggt tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
 gcatcgtcgg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgcccacc 180
 aaggaaaaact cactaccatg agatggcag tgatgtctt ttgcctccata ggcatcacct 240
 gtgcataacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga gggaaagcag ctttacaaca 300
 aatacccaaga tgctgtggcc acatggctaa accctgaccc atctcagaag cagaatctcc 360
 tagccccaca gaatgtgtg tcctctgaag aaaccaatga cttaaacaag gagacccttc 420
 caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgtat ggtatgtaa gatgtatgac 480
 55 accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tgatgtatgta gatgacactg 540
 atgattctca ccagtctgtat gaggctcacc attctgtatgaa atctgtatgaa ctggctactg 600

attttccccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttactcc agttgtcccc acagtagaca 660
 catatgatgg ccgagggtat agtgtggttt atggactgag gtcaaaatct aagaagttc 720
 gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780
 5 gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
 ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg 900
 ctgaaaaccca cagccacaag cagtcagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
 atgagcattc cgatgtgatt gatagtccagg aactttccaa agtcagccgt gaattccacal020
 gccatgaatt tcacaggccat gaagatatgc tggtttaga cccaaaaagt aaggaagaagl080
 ataaacacct gaaatttcgt atttctcatg aatttagatag tgcatcttct gaggtaattl140
 10 aaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtcaaaagaaaa atgcttata1200
 gcaaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attgggttga ttttatctal260
 tttgagtctg gaaataacta atgtgttga taatttagttt agtttggc ttcatggaaal320
 ctcccgttaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgcaal380
 15 actatcactg tattttataa ttttttatttc tctcatgaat agaaatattt gtagaagcaal440
 acaaaaataact ttttacccact taaaagaga atataacatt ttatgtcact ataattttt1500
 gtttttaag ttatgtata tttttttgtt attatctttt ttttttttgcgataaaatctt1560
 tatcttgaat gtaataagaa tttttttgtt tcaattgtttt atttttttccacgggtgt1620
 ccagcaatta ataaaacata accttttta ctgcctaaaa aaaaaaaaaa gaaaagaaaa1680
 aaaagaaaaag aaaaaaaggg gagggagggg ag 1712

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1273Basenpaare
- 25 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

45 accggcccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcggcgaaa ggggtggcag cggcaaggca 60
 gcccagtttc gcgaaggctg tggcgcgcc gggggccca ggcacccggc acgcgcctt 120
 cccgcaggca cccggcacgc gccttccccg cggccacat gcccaagagg aaggtcagct 180
 cccggcaagg gcccggcaagg aagagccaa gaggagatcg ggcgggtgt cagctaaacc 240
 50 tcctgcaaaaa gtggaaagcga accggaaaaag gcagcagcga aggataaatc ttcaaaaaaa 300
 aaagtgcaaaa caaaaggaa aaggggagca aaggggaaaac aggccgaagt ggctaacc 360
 gaaactaaag aagacttacc tggggaaaac gggggaaaacga agactggaga gagtccagcc 420
 tctgatgaag caggagagaa agaagccaa tctgatggat aaccatatac catgtctt 480
 cagttggccc tgtctccctt ctgtacaat ccagaggaat atttttatca actatgtt 540
 55 aaatgcagaat ttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggagggaaat cccacccat 600
 cccatttttt aagtgtaaat gctttttttt aagaggtgaa atcatttgct gttttttat 660
 tttttggtag aaccagaaaa tagtggaaa tattgtggaa tggggaggctc tgactgtctc 720

	gggtgtcgc	ttaacattcc	acagatgggg	ggtagttt	tatatacttat	aatacaaagc	780
	atattaaatg	gcaatatgga	gtcagtccctg	catttaatgt	cttgaacatt	ttaaattact	840
	tctattacca	tgttgtttt	tagtagaatt	gtttccctaaa	gaaaaccact	ctttgatcat	900
5	ggctctctct	gccagaattq	tgtgcactct	gtaacatctt	tgtgttagtc	ctgttttcct	960
	aataactttg	ttactgtgct	gtggaaagatt	acagatttg	acatgtatgt	tacgtgtgtl020	
	tgagttgtga	actggggc	cgtatgtaaac	agctgaccaa	cgtgaagata	ctggtaacttl080	
	ataggctctt	aaggaaaaatt	tgcttccaaa	tttaagctg	gaaagtcaact	ggaataacttl140	
	taaaaaaaagaa	ttacaataca	tggctttta	gaatttcgtt	acgtatgtta	agattttgtgtl200	
10	acaaaattgaa	atgtctgtac	tgatcctcaa	ccaataaaaat	ctcagttatg	aaaataaaaaal260	
	aaaaaaaaaaa	aaa					1273

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

	cctcggacca	ccggactggc	ctggggcggg	acgtgggcgc	gggggcgcgg	cgtgcggcac	60
	gctgcagggc	tgaagccgcg	gcggcggtgg	ggactgcacg	tagcccggc	ctcggcatgg	120
	ctctccttgtt	gctcggtctg	gtgagctgta	ccttctttct	ggcagtgaat	gtctgtatt	180
40	cctctagtga	tgtatgtatc	qaattaactc	catcaaattt	caaccgagaa	gttattcaga	240
	gtgatagttt	gtggctgtta	gaattctatg	ctccatggtg	tggtcactgt	caaagattaa	300
	caccagaatg	gaagaaaagca	gcaactgcat	taaaagatgt	tgtcaaagtt	ggtgcagttg	360
	atgcagataa	gcatcattcc	ctaggaggtc	agtatggtgt	tcagggattt	cttaccattt	420
	agatttttgg	atccaaacaaa	aacagaccag	aagattacca	aggtggcaga	actggtgaag	480
45	ccattgtaga	tgctgcgtc	agtgcctgc	gccagctcg	gaaggatcgc	ctcgggggac	540
	gaagcggagg	atacaggttct	ggaaaacaag	gcagaagtga	tagtcaagt	aagaaggatg	600
	tgattgagct	gacagacgac	agctttgata	agaatgttct	ggacagtgaa	qatgtttgga	660
	tggttgagtt	ctatgcctt	tggtgtggac	actgcaaaaa	cctagagcca	gagtgggctg	720
	ccgcagcttc	agaagtaaaa	gagcagacga	aaggaaaagt	gaaactggca	gctgtggat	780
	ctacagtcaa	tcaggttctg	gcctcccgat	acgggattag	aggatttctc	acaatcaaga	840
	tatttcgaaa	aggcgagttc	cctgtggatt	atgacggtgg	gcccacaaga	tccgacatcg	900
	tgtccccggc	ccttgatttg	ttttctgata	acggccccacc	tcctgagctg	tttgagattt	960
	tcaaacggaga	cattgccaag	aggacgtgtg	aggagccacca	gctctgtgtt	gggctgtgc	1020
	tgccccatat	ccttgataact	ggagctgcag	gcagaaaattc	ttatctggaa	gttctctgal	080
	agttggcaga	caaataaaaa	aagaaaaatgt	gggggttgct	gtggacagaa	gctggagcccl	140
55	aqtgtqaact	tqaqaccqcg	ttqqqqattt	qaggqtttqq	gtacccccc	atggccgcacal	200

	tcaatgcacg	caagatgaaa	tttgctctgc	taaaaggctc	cttcagttag	caaggcatcal260
	acgagtttct	cagggagctc	tctttgggc	gtggctccac	ggcacctgta	ggaggcggggl320
	cttccctac	catcggttag	agagagcctt	gggacggcag	ggatggcag	cttccctgggl380
5	agatgacat	tgaccctcagt	gatgtggagc	tttatgactt	agggaaagat	gagttgttagl440
	agccacaaca	gaggcttcag	accattttct	tttcttggga	gccagtggat	tttccagcal500
	gtgaagggac	attctctaca	ctcagatgac	tctaccagt	gccttttaac	caagaagtagl560
	tacttgattq	gtcattttaga	aacactgcaa	cagtgaactt	ttgcatactca	agaaaaacattl620
	gaaaaattct	atgaatttgtt	gtagccggtg	aatttgcgtcg	tattctgtca	cataatatttl680
	tgaagaaaaac	ttggctgtcg	aaacattttt	ctctctgact	gctgctgaa	tgttcttggal740
10	ggctgtttct	tatgtatggg	ttttttttaa	tgtgatccct	tcatttgaat	attaatggctl800
	ttttccattt	aagaataaaa	tattttggac	aatgccgata	aatgtatgaa	gttagtatccl860
	acatcataaa	ttcagagtg	tgttttagcag	taaatcaata	ttttaagt	atacacagat1920
	gtcttctc	cccacaaaact	tttttaaaca	aaaaacaaga	cctctttct	ttagatgggl980
	ccacctatgc	ccaccacaaac	agagatttt	catggaaacc	gggctcagt	agaactgatt2040
15	tctgtcccaa	tatgttctt	tgggctgtct	ctagtgcata	attattaagg	aatctagctg2100
	gttatacagt	tcaaggcttt	ctatgttctt	aatgaacctc	aaaatagccg	ttaagacatg2160
	aaatacagca	gcaggttacc	aatgcgaaca	ggtagttcgc	atttatgtaa	aacattcaga2220
	aaatgaagtt	ttgaatttgt	tggAACATT	aaaggactg	agagcattt	attgttaactt2280
	aaaaaaataa	atacaactgt	cactaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa2340
20	aa					2342

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1959 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- ### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

45

gcgaggatata	aataagtttgc	ggagacaaaa	tgataacgcac	acgagagaag	atgaagaaga	60
tactcaaagt	tccaaatctg	aagaacatca	ttgtactct	aatccaatca	aagaagaataa	120
gactgagtc	aagtctcta	agtactctga	aatgagttag	gaaaaacgag	ccaaacttcg	180
tgaaaatttag	ctcaaaggta	tgaagttca	ggatgaattt	aatctggaa	aaagacactaa	240
aaaaccaggc	cagagtttc	aggagcaagt	agaacactac	agagataaac	ttcttcaacg	300
agagaaaagag	aaagagtttag	aaagagaacg	agaaagagac	aagaaagata	aagaaaaatt	360
ggaatctccg	tccaaagaca	agaaggaaaa	agatgagtgt	actccgacaa	ggaagggaaag	420
gaagaggcg	cacagtacat	ccccccagccc	atctcgact	agcagtggta	gacgagtgaa	480
atccccatca	ccaaaatccg	agcgatcaga	gcgttcagaa	agatctcata	aagagagctc	540
acggtccagg	tcatctcaca	aagattctcc	tagagatgtt	agcaaaaaaaag	ccaaaagatc	600
accatcttgt	tcaaggacac	ctaaaaggtc	taggcgatca	cggcttagat	ctcctaaaaaa	660

atcaggaaag aagtccagat cccagtccag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
 gaaaaacaaa cactgacgta aattttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
 tttgtgcctg aacggctgt ttttaaaaaa aacaaaaaat caaatgaaag agcattcctg 840
 gggtttttg tttgttgc tatgcattgtg taaactcatg agcaactgca tctgttagatc 900
 5 tgcattgtt ttatattgtg taaattactt tcattgtgcc tatttctcaa gatgaaattt 960
 ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta1020
 ttttggggta ggtgttgc acttagcaaa aataatacag atgtctccc ccctttgtta1080
 gcttgacaa tttgaatttag atttcaaata aaatctgaa acggaaactat aatgttggta1140
 ttttggggca ccggtgatataaagtcctt aaagtccctc tgagttcac actactgtt1200
 10 tgcttcttat acctgatgca cttataagc cccagtgtc aagtagctt agettataat1260
 ttactaagat gactatccaa attaaggcac ctgagactcc tatttgggttgg tttgctaacc1320
 atttgcctt gataagggtt tcttggta tactaataacc cagatataaa agacttaggt1380
 gatatggcat ggcgtttgt tagtggaaatg cctggctaaa acatttttt cacagaagca1440
 atatgatcc catacatacca acccatgttc tgagcaacta cttatctta gggggaaattt1500
 15 aaatatcttt tcatttccctt tcatttattatg aaagaaggttt atttggtaaaa caaatttct1560
 aacaagggtt ggcatacgaa ttcttgcata tgattttgttgc ccttttataa ttcttctgt1620
 gctatcttc aaacactggc atcagaatatttttataag ttttggttta aacagcttag1680
 ttggcccccc ccccccactcc caagagactt ggggttagtt atagctttaa gtaaaattt1740
 aaaataaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaatttttttgc tgtaaattca aggtgcaaa1800
 20 agttgattta aaccatttgc agagttgaaatc tctattatgaaatataattt gctacggat1860
 gaggaagaaa taaaacttgc ttaatgttgc tcataataact gctataaata taataaagg1920
 ttatgttagaa ttgaactgac aaaaaaaaaaaaaaaa 1959

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3708 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 30 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

gccccttata tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt tttttttttt cagcttataaa 60
 cacaactttt attagaaaag ttatcacataa catagcatca actatttca agaacaataat 120
 50 taaacccgat aagcaacaaa aaccagacta aaaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
 ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgcatttttta caaacgggaa aaactcctg 240
 gtttacaggc acatcatatt gaatataaaatg ctgcaatagc aattttatac aatttaccat 300
 ctgaagaaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgaggtaa caaatttaaa acatttcaca 360
 taattttaaa ttatggta tacactgaaatg tctgaggttc aaaagtgatt tttttttccc 420
 55 aaaaaagttt caacactaa gctagaactt tcagtgtttaa cttggcccta aaaagtttaag 480
 acatattctg ataatcataa cagtcacatg atttctgtatg ctatctggc tggtaataat 540

aaagtcttta tttggatgta tttttcttca attaaattac agaaaactgg atataggatt 600
 tcgttgcac gctattaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcactggaaa aggagatcag 660
 tactaaaact tacaataaaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gctctgtttaa 720
 5 aagctaagtt gaccagggtgc ataatttccc atcagtctgt cctttagtga ggcaggggcaa 780
 ttctgtttt catgatcgga atactcaa atatccaaac atcttttaa aactttgatt 840
 tatagctcct agaaagttt gtttttaat agtcactcta ctctaattcag gcctagctt 900
 gctcattttg gaggcctcact aaaataacag atttcagttt agccaagttc atcagaaaaga 960
 ctc当地atgga atgatttaca aaatagaaca ct当地aaacca ggtcagtcct atcttttgc1020
 10 agctgaaggc tatcagtcat aacacaattt cgctgtacacc tctgctcatt atggaattac1080
 acttaaaacg aatctcaaga gggtgaccat tggttgcata gataccatcc ctaaggagag1140
 tggttaacag gaagattgcc agtgttactg atggaaaagaa gtgttgcatt gtttttttt1200
 ct当地tcaaag acttacacca tagttaataa ttaactgtc aggcatttc tcagacagg1260
 tt当地tttcaatgcata tgaagaacta agataaaaat catgacttct gactgccact1320
 caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttca gactgtttaa aatcatcttc1380
 15 tgagtccctt ggggtctgtt ttctccatca gaacacaac acaaccatc taatcagttt1440
 cc当地caaaga tgaaatttgc aatatttataat tactggaaa aatgaaagaa ggaaaaagg1500
 aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaaagg gttctgtgc cc当地acat1560
 gggggcaatt tgtaagact agtgaatcaa acactagcta taatcatttct agtcctt1620
 ataataatgga accttggtcc aggtgttgcg atgatgtcac tgtacggttc tt当地tgc1680
 20 agctcaatag ct当地gtcatt ttaagaacc aagaagctgt agaacttgc ggca1740
 tt当地gttgcg tatttcgaca taactcaagc aaactgatag attcagtc cgtttagc1800
 agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccctt tggtccatct tcttcttcc1860
 tgatecttgcgat cgccccctga tgcatctca tcccttctct cttcatcatc tt当地ttcc1920
 tt当地tttctt cttctcttctt ttctggcaga agttctact ctggatttag ctgacagata1980
 25 tt当地ggggtt ct当地tggggg aagctctaca ggtggattt cccatctgc ct当地gtcaat2040
 tt当地ccagct tt当地ctttaa ct当地ctgagg tggtggtgg ggcatactg actcatctat2100
 gtttggctcg ct当地cttcca tcactgactc ct当地ggccgg ct当地ggcttt caataatggg2160
 ctc当地catcata acatcacgct gctgatgctg ct当地ggctgg tc当地ctctag gaacctctgg2220
 atttcaaat tctttggagga attcatccaa attatctgcc tctcccttctt tctccctt2280
 30 tcttaaggct tctggtaaca gcggtgtaa acagcgtgt aagacttca gtatctgtt2340
 attccacaaa ggctgagcag gtaaagaaaa cagtttttct actccttcc tcttccca2400
 catcatcaat tt当地ttgtgg cggtggcaga tccaaatgtg taacaatata tgaataatca2460
 ctaatgggg ct当地attgt ct当地tcttca aacttttgc aactgtcaac aattatgttc2520
 ct当地tcttctt tggctttgtt tt当地taaca gtttatcaat taggtccaa tgcaa1atgtct2580
 35 tt当地ctcat tt当地acaag tggttgcata tc当地tgcatttgg tt当地acggga2640
 tccactgaat caggactatc aggcccaccc attgatacat tatcatctc atccatatcg2700
 tcatgtgcag gctgctctgg caacatcacc ct当地gcctcag agaggcagg gggatcatca2760
 aagataccgc catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttcc2820
 tctccaaaat tatcatctt atattgatct tc当地atttca aatggtaat tt当地tatttcc2880
 40 agattgctgg tgctctgttc agactctaat aggaggtagt aagtagtagt gctactaac2940
 atgtcgcat cctcaaaagc actgccttct ctc当地tatct cacgatcate cattccaaa3000
 tc当地aaaat cattttcttgc taaaatactg atgttcccaat cttctcttct catggttatc3060
 tt当地ccatc tactctgtt caagctgaaac tgctggccca catcgtatc atctaaatgtca3120
 ggc当地ggct gatcaaagtc atgaaattct tc当地gtttaaag taatggcatt ataagctgt3180
 45 tccc当地tattt cctcaggcag gtcaaccaca ct当地ggcccaa aagccatctt tatcttaatg3240
 aatgcttcat tacagctgc aagaaaggat tt当地gttcc tgc当地tgcact3300
 cccaggtaaga gatgtctga tggtccgtat gcaattttca ctttgggtga gatgatctc3360
 tt当地ccatc ct当地ctttaat tacactcgaa cacatgggtt tt当地gtttagt ct当地tccca3420
 50 atggggccgt agccaaattt tt当地ccaggagg ct当地ctttaat ct当地gaaacaa aatgtgcgt3480
 gaacattgtt ct当地gttggct atgaaaacag aagaaaacct tgctctccgc tgggagttgg3540
 gccc当地gggggggggg aggggaaaag ggtc当地ggggga ggggggtgggg aaaggggggga3600
 gccc当地tgcga ggtgttagctt cc当地gaggactt cccccc当地cccc cacagccggc gc当地cttcc3660
 cgattcactc aaacaaaacaa gatggctgcc gttaaaccgc ggctcttc 3708

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaattt agacctctgg 60
20 gaaaagagct gccatattac ccataccccca aacaaccaag atcgaactct cactatttgt 120
gatactggaa ttgaaatgac caaggctgac ttgatcaata accttggtag tattcgccaag 180
tctgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctggtg cagatatctc tatgattggc 240
cagttcgggtt ttggtttttta ttctgcttat ttggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
aaacataacg atgatgagca gtacgcttgg gagtcctcag cagggggatc attcacagt 360
25 aggacagaca caggtgaacc tatgggtcg ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaaa 420
gaccaaactg agtacttgg agaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaagggaaac gtgataaaaga agtaagcgat 540
gatgaggctg aaaaaaagga agacaaagaa gaagaaaaaa aaaaagaaga gaaagagtcg 600
30 gaagacaaac ctgaaattga agatgttgg tctgtatgagg aagaagaaaaaa gaaggatgg 660
gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
acaaagccca tctggaccag aaatcccgac gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
ggacagttgg aattcagacg ccttcttattt gtcccacac gtcgtccctt tgatctgtt 900
35 gaaaacagaaa agaaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagttttt catcatggat 960
aactgtgagg agctaattccc tgaatatctg aacttcattt gagggtgtt agactcggag 1020
gatctccctc taaacatatac ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagtatc 1080
aggaagaattt tggtaaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag 1140
aactacaaga aattctatga gcagttctt aaaaacataa agcttggat acacgaagac 1200
40 tctcaaaatc ggaagaagct ttctcagatgt ttaaggactt acatctgc ctctggat 1260
gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaatgaagg agaaccagaa acatatctat 1320
tatatacag gtgagaccaa ggacccggta gctaactcg ctttggta acgtcttcgg 1380
aaacatggct tagaaatgtat ctatatgatt gagcccttgg atgagactcg tgcgtccac 1440
ctgaaggat ttgagggaa gacttttagt tcagtcacca aagaaggctt ggaacttccal 1500
gaggatgaag aagagaaaaaa gaagcggaa gaaaaaaa caaagttga gAACCTCTG 1560
45 aaaatcatga aagacatattt ggagaaaaaa gttgaaaagg tgggtgtgc aaaccgattg 1620
gtgacatctc catgtgtat tgcacaacg acatatggct ggacagcaaa catggagaga 1680
atcatgaaag ctcaagccct aagagacaac tcaacaatgg gttacatggc agcaaaagaa 1740
cacctggaga taaaccctga ccattccattt attgagaccc taaggaaaaaa ggcagaggct 1800
gataagaacg acaagtctgtt gaaggatctg gtcatctgc tttatgaaac tgcgtccctg 1860
50 tcttctggct tcagtcggaa agatccccag acacatgtca acaggatcta caggatgatc 1920
aaacttggct tgggtattga tgaagatgac cctactgtg atgataccag tgctgctgt 1980
actgaagaaa tgccacccct tgaaggatgac gacgacacat cacgcatgg agaagttagac 2040
taatctctgg ctgagggatg acttacctgt tcagttactt acaattcctc tgataatata 2100
ttttcaagga tgggtttctt tattttgtt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac 2160
55 tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgtat gctgtgtatc cttaggcact 2220
aaagcagagc tagtaatgtt ttttgagttt catgttgggtt tattttcaca gattgggtat 2280
acgtgcactg taagacgtat gtaacatgtat gttaaaccttgg tgggtctaa agtgttttagc 2340
tgtcaagcccg gatgcctaag tagaccaat cttgttattg aagtgttctg agctgtatct 2400

	tgtatgttttag	aaaagtattc	gttacatctt	gtaggatcta	cttttgaac	tttcattcc	2460
	ctgttagttga	caattctgca	tgtactagtc	ctctagaaat	aggtaaaact	gaagcaactt	2520
	gatggaaagga	tctctccaca	gggcttgaaa	tccaaagaaaa	agtattgttt	ggaggagcaa	2580
5	agttaaaagc	ctacctaagc	atacgtaaa	gctgttcaaa	aataactcag	acccagtctt	2640
	gtggatggaa	atgttagtgtc	cgagtcacat	tctgcttaaa	gttgtaccaa	atacagatga	2700
	gttaaaagat	atttgttgac	agtgtcttat	ttagggggaa	aggggagtat	ctggatgaca	2760
	gttagtgcca	aatgtaaaaa	catgaggcgc	tagcaggaga	tggtaaaaca	ctagctgctc	2820
	caagggttga	catggtcttc	ccagcatgt	ctcagcaggt	gtggggtgtga	gcacatgtag	2880
10	gcacagaaaa	caggaatgca	gacaacatgc	atccccctgc	tccatgagtt	acatgtgttc	2940
	tcttagtgtc	cacgttgaaa	tgtatgttatt	catggaatac	cttctgtgtc	aaatacagtc	3000
	acttaattcc	ttggccaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaa		3045

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2815 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

	cagtggcgcc gcaaccagcc ttcttagggcg gcggaggaga gtgagtc aatacatgg 60
	gcaagtaca gtcgtcgatg ccagcttctt cttgaaatct accccagaatg gaatcttgac 120
	aatgatacag gacacacaat gggtgatcca ttcatgttgc agcagtctac aaatccagca 180
40	ccaggaattc tgggacacctec acctccctca ttcatcttggggaccaggc agttggacca 240
	agagggaaatc tgggtgtctgg aatggaaac ctgcaaggac ctagacacat gcagaaaaggc 300
	agagtggaaa ctagcagagt tggcacatc atggattttc aacgaggaa aaacttgaga 360
	taccagctat tacagcttgtt agaaccattt ggagtcattt caaatcatct gattctaaat 420
45	aaaattaatc aggcatat tgaatggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
	tattcacaa ccacaccaggc tttagtattt ggcaagccag tgagagttca ttatcccag 540
	aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagttga tcaaagccaa 600
	gagcttggac gtgtgataca tctcagcaat ttgccgcatt ctggctattc tgatagtgtct 660
	gttctcaagc ttgctgagcc ttatggaaaa ataaagaatt acatattgtat gaggatgaaa 720
	agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgca tggcaatgggt tgaccattgt 780
50	ttgaaaaaaag ccctttggtt tcaggggaga tgggtgaaagg ttgacctgtc tgagaaaatata 840
	aaaaaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaaa agataaaatcc 900
	cgaaaaaaagat cttaactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
	gatggttccc agaagactga gagttcaacc gaagtaaaga acaagaagag aagtccgggtg 1020
	aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaacctaattt atgcttcttg 1080
55	aatctgaaga tgagctactt gttagatgaag aagaaggcagc agcactgtca gaaagtggcc 1140
	tttcaatggggq agacgagacc gatcttgcta atttaggtga tggcttctt gatggggaaa 1200

5 aggaaccatc agataaaagct gtgaaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa1260
 agcttaaaaaa ggtggacaag atcgaggaac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaaa1320
 atggaattaa aaatgaggaa aacacagaac caggtgctga atcttctgag aacgctgatg1380
 atcccaacaa agatacaatg gaaaacgcag atggtaaag tgatgagaac aaggacgact1440
 atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttctt gttggatag1500
 actatgtgat acctaaca gggttttact gtaagctgt ttcactctt tatacaaatg1560
 aagaagttgc aaagaataact cattgcagca gccttcctca ttatcagaaa ttaaagaat1620
 ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
 atttaatgat ttcaaaagaaa ataatggtc ttgttttta atgttaacct ttttaaata1740
 10 caatactgat agttagaaga aaactattgt actctttgt ttttagtgag aaataataga1800
 tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaataca catacggtt agttaatgaa1860
 tagttttgt ttatcagaa tggcaacaga cagaagtaact ttgttagagat tgacttcata1920
 agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgtt gaaccatttg gaaaaatgaa1980
 atttagtagt tccaagttc aaagaaaatgtt caacatttttta ttccattcaa taaaagaacaa2040
 15 aaccaatagt gtttttatta ct当地atctg aaacatttca tggtttataatc tgaggcattgc2100
 agactttcat ttggagttt aacccgtttt ggttgcattt catttttggaa gaaacttaatt2160
 aacgttagat tggcaattga aatgcagggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgttgg2220
 aggttaataag aaatattaag taatttggctt tagattttgtt aatttttttc cctgagttcc2280
 tgcttagattt cgtattcttag tagtcaatgtt attttcagtg aaatgcaaaa atattccat2340
 20 tatctttgac cagttttat ttttgagatc ttactgtttc tcacttgaat cccgtgattg2400
 tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgttagacca tctcttcata2460
 ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaaca gtttggccat aatccttagat2520
 gcacgcttctt aattcatgtt cttgcacatg tgacctttgtt gaacagaaaat ttgcattgtat2580
 aattttgttt tacttgtaaat ttcttggta tataatgtttt atatctgtgg attcaagttt2640
 25 ctgaagtggaa taccaataaa aaaaaaaccc taggcattgtt taatttggta tacatgtttg2700
 gaatgttaac caaaaaaaaaaa aacagttgtt gtttttattt gctcttaaac ttgtgcattg2760
 cttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaatttctt aaagagctgc cgcta 2815

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

55 ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag cagggaaacga 60
 agcggcttttccgctatct gcccgttgc caccggaaac gagttgcac acggcagggtt 120
 cccgccccga agaagcgacc aaagcgctg aggaccggca acatggcgc gtcggggaat 180

aaggcagctg ttgtgcgtg tatggacgtg ggcttacca tgagaactc cattcctgg 240
 atagaatccc catttaaca agcaaagaag gtgataacca tgggttaca gcgacagg 300
 ttgcgtgaga acaaggatga gatgtttt gtcctgttg gtacagatgg cactgacaat 360
 ccccttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgttacca 420
 5 gattttatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggtctca acaggctgac 480
 ttcttggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaaacaat aggaaagaag 540
 ttgcgtgaga ggcatttgc aatattact gacctcaga gccgattcag caaaagtca 600
 ctggatatta taattcatag cttaagaaa tggacatct ccctgcattt cttcttgcc 660
 ttctcacttg gcaaggaaga tggaaatggg gacagaggag atggcccctt tcgcttaggt 720
 10 ggccatgggc cttccttcc actaaaaggaa attaccgaac agcaaaaaga aggtcttg 780
 atagtaaaaa tggtgatgat atctttggaa ggtgaagatg ggttggatgaa atttattca 840
 ttcaatgtgaga gtctggaaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
 tggccctgcc gactgaccat tggctccat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
 attctacagg agagatcaa aaagacttgg acagttgtgg atgcaaaaaac cctaaaaaaaa1020
 15 gaagatatac aaaaagaaac agtttattgc ttaaatgtatg atgatgaaac tgaagttt 1080
 aaagaggata ttattcaagg gttccgctat ggaagtgata tagtccctt ctctaaagtgl1140
 gatgaggaac aaatgaaata taaatcgag gggaaatgtct tctctgtttt gggattttgtl1200
 aaatcttctc aggttcagag aagattcttc atggaaatc aagtctaaa ggtcttgcac1260
 gcaagagatg atgaggcgc tgcagttgca ctttcctccc tgattcatgc tttggatgac1320
 20 ttagacatgg tggccatagt tcgatatgtc tatgacaaaa gagctaatcc tcaagtccgc 1380
 gtggcttttc ctcatatcaa gcataactat gagggtttt tagtgcgtc gctgccttcl1440
 atggaagact tgcggcaata catgtttca tccttgcataa acagtaaaaa atatgcctcc 1500
 accgaggcgc acgttgcatttgc tggatgtct ttgattgtact ccatgagctt ggcaagaaal1560
 gatgagaaga cagacaccc tggaaatgtt tttccaacca cccaaatccc aaatctcgac1620
 25 tttcagagat tatttcagtg tctgctgcac agagctttac atccccgggaa gcctctaccc 1680
 ccaattcgc agcatatttgc gaatatgtc aatcctcccg ctgagggtgc aacgaaaagt1740
 cagattccctc tctctaaaat aaagaccctt tttcctctga ttgaaagccaa gaaaaaggat1800
 caagtgcactt ctcagaaat tttccaagac aaccatgaag atggacctac agctaaaaa1860
 ttaaagactg agcaaggggg agccacttc agcgtctcca gtctggctga aggcaagtgc 1920
 30 acctctgtt gaaatgtgaa tcctgctgaa aacttcgtt ttcttgtaa acagaagaag 1980
 gccagctttt aggaagcgcg taaccagctc ataaatcaca tcgaacagtt tttggataact 2040
 aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcattcc gagccttccg ggaagaagcc 2100
 attaagttt cagaagagca ggcctttaac aacttcctga aagcccttca agagaaagt 2160
 gaaattaaac aattaaatca ttctggaa attgttgtcc aggatgaaat tactctgatc 2220
 35 accaaagagg aagctctgg aagttctgtc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc 2280
 cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatgg aagaagggtgg tgatgtggac 2340
 gatttattgg acatgatata ggtcgtggat gtatggggaa tctaaagagag ctgcctatcgc 2400
 tggatgtctg ggagttctaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaaat 2460
 ctcaagaaat tccacggcagg ttacctggag gggatcatac taattctctg tggaatgaaat 2520
 40 acacacatat atattacaag ggataatttgc gacccatatac aagtttataa agagtcattg 2580
 ttatttctg gttgggtgtat tttttttctg tggttcttac tgatctttgtt atattacata 2640
 catgttttgc agtttctggaa aagtagatct tttcttgacc tagtatatca gtgacagg 2700
 cagcccttgtt gatgttgcatttgc tggatgttgc tggatgttgc tggatgttgc 2760
 cttAACCTTCC TCCAGAGTCCTCCTG GATCCTCCAA CAGCTGTAC AACTTGTTG 2820
 45 gagcaagcag tagcatttgc ttccctccaa caagcagctg ggttagggaaa accatggta 2880
 aggacggact cacttctt ttttagttgg gcttcttagt taccacatta ctctgcctct 2940
 gtatataatgtt ggtttcttt aagttggggat ggaaggggag cacaatttcc cttcataactc 3000
 cttttaaatca gtgatgttgc tggatgttgc catgaagaaa agaccttttgc gccaatctc 3060
 tgccatatac tgatgttgc tggatgttgc tggatgttgc tggatgttgc tggatgttgc 3120
 50 ttatataact tcactgttct tcacttgca gcttcaaaa gagaaggatc cgttatatta 3180
 aaacacttag gtaacttttc ggttttccc atttctacat aagtcagctt tcattttgt 3240
 ggatgggttc tccttacta aataagaaaa taacaaagcc ctattttctt ttttttttgc 3300
 tcctcatct tcacttgatg tccagttcctt ctttggatgta cagacttctt ggtacccagt 3360
 cacctctgtc ttccaccc tcataagtcg tcactaatac acagttttgt acatgtaaaca 3420
 55 ttaaaggcat aaatgactca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3462

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 60 (A) LÄNGE: 668 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

ataggggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgccca 60
gtacaggagc tcgtggcgta qcccacagcc cacagcccc acgcacgggc tgggacactgaa 120
cggtgaagat gctggcgccc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcggtgt 180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttccag cagcgtctgg 240
ctgtccaccgc gagcgggtgtg ggcgtgcagg acagggtccc ctttgccagc caggccctgg 300
gccccggcag cacggctctg ctgggtggg acaaattgcga cgaacctctg agcattctgg 360
tgaggaataa caagggccgc accgcacact acgagggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtggc gggctggagg gtgtgcagga cgacactgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gcccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggctc aagccctgaa 540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agacgcctggc gggcggagct 600
30 aaggccctcc accagcatcc gagcaggatc aaggccgga aataaaggct gttgtaaaga 660
gaa 668

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 671 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

5 ggaaaccggc ctcattgaac tcgcctgcag ctcttgggt ttttgtggct tccttcgtta 60
 ttggagccag gcctacaccc cagcaaccat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct 120
 tggcaccacc tactcttggt tgggtgttt ccagcacgga aaagtgcgaga taattgcca 180
 tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgtgcctt acggacactg aacgggtt 240
 ggtgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaaccccacc aacacagttt ttgatgcc 300
 10 acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tttgtccag tctgatatga aacattggcc 360
 ctttatggtg gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaataca agggagagac 420
 caaaagctt tatccagagg aggtgtttc tatgggtctg acaaagatga agggaaattgc 480
 agaaggctac cttggaaaga ctgttaccaa tgcttgggt cacagtgc 540
 atgactctca gcgtcaggct accaaaaagat gctggagact attgatggc tgcaatgtac 600
 15 ttaggaatt attaatggc gccaactttg tgcctggtaa tttcttacg gtttggca 660
 aaaaaaggtt t 671

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1108 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

45 agtggaggag ggagagacgc tggcccgaaa cccgaggggc gtgggcacatcg ggaggcgggc 60
 cgggtttagg ggcgggaccc cgcctgggtt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
 agtcgcaca cctttccccc tgctgcgatg accctgtcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
 ccacggcggc ggtgcaggcg tccccctctgc aagcgttaga cttctttggg aatggggcac 240
 45 cagttaaacta caagacaggc aatctataacc tgcgggggccc cctgaagaag tccaatgcac 300
 cgcttgtcaa tgtgaccctc tactatgaag cactgtgcgg tggctgcccga gccttcctga 360
 tccgggagct cttcccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgtc acgctggtgc 420
 cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcagggtg ggagttcaag tgccagcatg 480
 50 gagaagagga gtgcaaattc aacaagggtgg aggccctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
 agctagccctt cctgaccatt gtctgcattt aagagttga ggacatggag agaagtctgc 600
 cactatgcctt gcagctctac gccccaggcc tggctgcaggca cactatcatg gagtgc 660
 tgggggaccg cggcatgcag cttatgcacg ccaacccccca gggacagat gctctccagc 720
 55 caccgcacga gtatgtcccc tgggtcaccgc tcaatggaa acccttggaa gatcagaccc 780
 agctcccttac ctttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccggatgtc tgcccttctc 840

5 caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
tggaaaggcgta gtgggaaccc ggctgcctgc cttttttct gatccagacc ctggcacct 960
gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac 1020
cccatgatca agaatcctgc tccactaaga atggtgctaa agtaaaaacta gtttaataag 1080
ccccaaaaaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
10 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

30 aaagcagccg ccggcgccgg gtgcctaca gcacgctgcc acggcgcacgc agacccctct 60
ctgcacgcca qcccgcccgc acccaccatg gccacagtgc agcagctgaa aggaagatgg 120
cgccctgggg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agcttaggagt gggaaataqct 180
ttgcgaaaaa tggcgcaat gccaagcca gattgtatca tcacttgtga tggtaaaaac 240
25 ctcaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt ttcttgtac cctgggagag 300
aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa ctttacagat 360
ggtgcattgg ttccatca ggagtggat gggaaaggaaa gcacaataac aagaaaattg 420
aaagatggga aatttagtgggt ggagtgtgtc atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat 480
gaaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac tttggacagg agtaattaa gagaatgacc 540
40 aagctcattt caatgagcaa atctccatac tggttcttgc tttttttt cattactgtg 600
ttcaattatc ttatcataa acatttaca tgcagctatt tcaaaatgtg ttggattaat 660
taggatcatc ccttggta ataaataat gtgttgtc taaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 720

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 837 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

5 gtagggtcag cgtcggaggc ggtagtgacg gtggcgttc cttgaggaag agtgagggtt 60
 ccaactttc tgcttatctg ggaggtgtt ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
 gcagccggt aacttagtc tggtaggaa agacgacgag tttgaagagt tcctgcccga180
 agactgggt ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attggatga240
 tgacaatgt aaggatgact tcttaatca ttacgagct gaactagaga aacatggta300
 taagatggag acttcatacg atccagaaga agtgttgaag taacctaaac ttgacctgt360
 taatacatc tagggcagag aaccaggat gggcacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
 atctgcttgg atttatttgt gttttgtaa cacaaaaaat aaatgtttt atataaaaag480
 10 gaaagagaaa aattgcgg 498

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1077 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 30 (C) ORGAN:
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

40 cggctcgagc tggtacaaca gggcacacgt gttcacgtt gacaggttt cttgggacgc 60
 tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagttt agaagaaaaat acacacaagt 120
 atacagactg ttccctagttt cttagactt tctgcattt ggataaaaata aatgcaattt 180
 tgctcttcat ttaggtgtt ttccattgtt ttaatgtt caacagagca 240
 aggagaaaaaa aggcaatcctt ggaatcacat tcttagcaca cctacacccctt ttgaaaatag 300
 aacaacttgc agaatttggaa gtgattccctt tcctaaaatgtt gtaagaaaagc atagagattt 360
 gttcgttattt agaattggat caccggaaaa agagaagggaa agtgtttttt ttccacaaga 420
 tctgtatgt tatttccact tataaaaggaa ataaaaaaatg aaaaacattt tttggataatc 480
 45 aaaagcaaaat aaaaacccaa ttcatgtctt tctaaatggaa attgtcttcaatc agagatgtt 540
 cacattataa agtaatctt ggctgttcaagg cattttcatc ttcccttcgg gttggcaaaa 600
 tattttaaatg gtaaaaacatg ctgggttcaacc aggggtttt atgggtataa gggggaaa 660
 tagaatgaaa gactaatctt tccctttttt cacaataga gttttggaaaa agcctgtt 720
 50 aggtgtcttc ttgtacttta tgcctttttt agtatccaga gataactacaa tattaaatcata 780
 agaaaaagatt atatattttt tctgaatcga gatgtccata gtcaaaatgg taaatctt 840
 tcttttggtaa tatttttttta tatttttttta tgacagttaa cattctgttattt ttacatgtt 900
 aacaagaaaa gttgaagaag atatgttgaag aaaaatgtat tttttctaaa tagaaataaa 960
 tgatcccatt ttttggtaaa aaaaatgtatg tgagatttt tcgtaaacgt gactacttt 1020
 55 tttctaaata agagattcccc tacctgcgtc ctacaaggcag ttcagaatgc catgcct 1077

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1755 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1545 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

40 gttcggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgctgt cctcccgacg 60
cggaccgggt gccccaggct cgcgcgtgcc ggcagggtgc tcgtgtccca ctcccgccgc 120
acgcctcccg cgagtcccg gccccctcccg cgcgcgtccgc ggcgcacggc gacttttgcc 180
gcgcggccgc aggtcctcgc ttccggcgtt ctgcttgcgc cggcgcacggc gacttttgcc 240
gcagctcagg aagaatgtgt ctgtaaaaac tacaagctgg ccgtaaaactg ctttgtgaat 300
aataatcgtc aatgcctagg tacttcagtt ggtgcacaaaa atactgtcat ttgctcaaag 360
ctggctgcca aatgttttgtt gatgaaggca gaaatgaatg gctaaaaact tgggagaaga 420
gcaaaacctgt aaggggccct ccagaacaat gatgggctt atgatcctga ctgcgtatgaa 480
agcgggctct ttaaggccaa gcagtgcac acgcacccca tgtgtgggt tgtaaacact 540
gctggggtca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtggaaacc 600
tactggatca tcattgaact aaaacacaaaa gcaagagaaaa aacccatgaa tagtaaaagt 660
ttgcggactc cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatac aacttggatcc aaaatttatac 720
acgagtattt tgtatgagaa taatgttatac actattgtatc tggtcaaaaa ttcttcctcaa 780
aaaactcaga atatgtggaa catagtgtat gttggctt attttgaaaa agatgttaaa 840
gttgaatctc ttttcattc taagaaaaatg gacctgacag taaaatgggaa acaactggat 900
45 ctggatcctg gtcaaaatttt aatttttat gttgtatggaaa aagcacctgaa attctcaatg 960
cagggtctaa aagctgggtt tattgtgtt attgtgggtt tggtatgatc agttgttgc 1020
ggaattgttg tgctgggtt ttccagaaaaag aagagaatgg caaatgtatgaa agaggctgag 1080
ataaaggaga tgggtgagat gcataggggaa ctcataatgcataactatataa ttggaaatgtt 1140
atagaagaag gggaaatagca aatggacaca aattacaaaat gtgtgtgcgt gggacgaaag 1200
catcttggaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat atttgcataa gtgaaacctg 1260
tactcaaaat ataaggcagct tgaaaactggc ttaccaatc ttgaaatttg accacaagtg 1320
tcttatatat gcagatctaa tgaaaatcc agaacttggc ctccatcgataaaatttattt 1380
atgtgtaaaca ttcaaatgtg tgctttaat atgcttcac agtaaaatct gaaaaactg 1440
50 tttgtgattt aaagctggct ttcttatttac ttgagtctt tacatataca ctttttatg 1500
agctatgaaa taaaacattt taaaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- ### 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1133 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

```

gccccgtatt atcgggtaga catctcgac cgcgtctcg aaaccggtag cgcttgacgc 60
atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagctt ttcactattt 120
gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aaggaaattgg gaactgtaat gagatcttt 180
ggcagaatc ccacagaagc agagttcacag gacatgatta atgaagttaga tgctgtgg 240
aatggcccaa ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaaaaaa atgaaagaca 300
cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgttt tgataaggat ggcaaggggct 360
atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaaacct tggagagaag ttaacagatg 420
aagaagttga taaaatgatc agggaaagcag atattgatgg tgatggtaa gtaaactatg 480
aagagttgt acaaatgatg acagcaaatg gaagacctt tacagaatgt gttaaatttc 540
ttgtacaaaa ttgttattt gcctttctt tgttgttaac ttatctgtaa aaggttctc 600
cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aatttagact tcattccctc atgtttctt 660
cccttatctt actgtcattt tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggttaacat 720
gttgcatttg gcttactctg gggaaatatc taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780
gagttggta aatgagggaa catctgggtt atgcctttt taaagtagtt ttcttttagga 840
actgtcagca tggatgtttt gaaatgttggaa gttgttaactc tgcgtggact atggacagtc 900
aacaatatgt actttaaatgt tgacttattt caaaaacgggt gtattatcca gttactcgta 960
caactttttt ttgtactgtt ggtcctgtac cagaaaacatt ttcttttattt gttacttgct 1020
ttttaaactt ggttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttggccc caaaatccat 1080
40 tccaaatgtt atatttgttt tccaaaaaaa aaattacaat ttacccaaaa aaa 1133

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 791 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

gcccggccgc cggaaccggc gagaggcggc ggcgggagcg gcgggtatgg acgggtccgg 60
ggagcagccc agaggccggg ggcccacccag ctctgacgac atcatgaaga cagggggccct120
tttgccttcag gtttcatcc aggtatcgagc agggcgaatg gggggggagg cacccgagct180
ggccctggac ccggtgccctc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcaggt gtctcaagcg240
catcggggac qaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac300
agactcccccc cgagaggctt tttcccgagt ggcagctgac atgtttctg acggcaactt360
caactggggc cgggttgtcg ccctttcta ctttgcacgaa aactgggtgc tcaaggccct420
20 gtgcaccaag gtgcggaaac tgatcagaac catcatggc tggacattgg acttcctccg480
ggagcggctt ttgggtcgta tccaagacca gggtggttgg gacggcctcc ttcctactt540
tggacgccc acgtggcaga ccgtgaccat ctttgcggcg ggagtgetca ccgcctcact600
caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggactgtgt tttcctcca660
taaattatgg cattttctg ggaggggtgg ggattggggg acatggcat ttttcttact720
25 tttgtatatta ttgggggggtg tggggaaagag tggcttgtag ggggtaataa acctccttcg780
ggacacaaaa a 791

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 599 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

tcctgccttc accatgaagt ccagcggcct cttcccttc ctgggtgtgc ttgccctgg 60
aactctggca ctttggctg tggaaaggctc tggaaagtcc ttcaaagctg gagtctgtcc120

```

tcttaagaaa tctggccagt gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180
gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttgtgc atcaaatgcc tgatcctgt240
tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tggaaagtgc ccagtgactt atggccaaatg300
ttttagatgttt aacccccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcaaggc gtgacttgaa360
5 gtgttgcattt ggcattgtgtg gggaaatccctg cgtttccctt gtgaaagctt gatttcctgccc420
atatggagga ggctctggag tcctgtctgtg tgggtccag gtccttcca ccctgagact480
tgctccacc actgatatacc tcctttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540
agtgcctttt gatcaatgaa taaaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaaa 599

```

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 643 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 gggccccgcgg ctcggggcgta ggagggcggtg cctctgcacg aagcgtgggg cgccggaaacc 60
cgagcaggac tctccagtcc tcagtcacct tgacaaaaga agtgtggatc ctcaagattcc120
atctttcca actccaaggc gccatggcag agaagggtgtt ggttaacagggt ggggctggct180
acattggcag ccacacgggtg ctggagctgc tgagggtctgg ctacttgccct gtggtcatcg240
ataacttcca taatgccttc cgtggaggggg gctccctgcc tgagagccctg cggccgggtcc300
40 aggagctgac aggccgcctct gtggagtttgg aggagatgga cattttggac caggggagccc360
tacagcgtct cttcaaaaag tacagctta tgccggcat ccacttgcgc gggctcaagg420
ccgtgggcga gtcgggtgcag aaggcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480
tccagcttct ggagatcatg aaggcccacg ggttgaagaa cctggtggttc agcagctcag540
45 ccactgtgtta cgggaaccccc cagtagctgc ccccttgaat gagggccacc ccacgggttg600
ggatgttaaca accttacggaa agtccaaatt tcttttatctt ttc 643

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 860 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

20 ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgcctccaga ggactggcca cattttgcct 60
agataaaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaaat120
ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcaggtaaaagaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatggaa gaagataccga aggatcacaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctcccttca cagactgtcc ggagtcttg gtttgattt acctgctgca aaaaacattc360
aacaatttgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
25 ttatgctgcc aaactcattt gttcagttt tttgtaatgt ctatgtgggc ttcatcatcc480
tgaaaagaag gagacaggga tttttttaaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttcttc540
cttcctttt cccttcctt ctttcttctt tctctttttt tctttttaaa atatattgaa600
gacaaccaga tatgtatttt ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
ctcctgtgtc acatactgtg ttttattttt aacatgggtt agggaggcga cctgatcagg720
30 ggaggtgggg gtacacatca atttgagttt ttcaggctac tgaaacattt aaatgtgaat780
tcccaaactt ttcttttgg cattgttcgg gggataggaa aatatcgttt taaaaggagt840
cttgggaaatt ggggtgtggga 860

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

5 cggggctcgc ccagcctggc ccggggagag gactggctgg gcaggggcgc cgccccgcct 60
 cgggagagggc gggccggcg gggctggag tatttgaggc tcggagccac cgccccgcgc 120
 qcgcggcag cacctcccg ccagcagccg tccggagcca gccaacgagc ggaaaatggc 180
 agacaatttt tcgctccatg atgcgttatac tgggtctgga aacccaaacc ctcaggatg 240
 gcctggcgca tggggaaacc agcctgtgg ggcagggggc taccaggggg ctccctatcc 300
 10 tggggctac cccggcagg caccccaagg ggcttatacct ggacaggcac ctccaggcgc 360
 ctaccctgga gcacctggag cttaatccgg agcacctgca cctggagtct accccaggcgc 420
 accccagcggc cctgggcct acccatctt tggacagcca agtggccaccg gagcctatccc 480
 tgccactggc ccctatggc cccctgtgg gccactgtt gtgccttata acctgcctt 540
 gcctggggga gtggtgccctc gcatgtat aacaattctg ggcacggta agcccaatgc 600
 15 aaacagaatt gcttttagatt tccaaagagg gaatgtatggt gccttccact ttaacccacg 660
 cttcaatgag aacaacagga gagtattgt ttgcaataca aagctggata ataactgggg 720
 aagggaaagaa agacagtccg tttccatt tggaaatggg aaaccattca aaatacaagt 780
 actgggtgaa cctgaccact tcaaggttgc agtgaatgtat gctcaattgt tgcaatgaa 840
 20 tcatcggtt aaaaaactca atgaaatca ccaaactgggaa atttctggt acatagacct 900
 caccagtgtct tcatatacca tggatataatc tggaaaggggc agattaaaaa aaaaaaaaaa 960
 atctaaacct tacatgttgc aagggttcat gttcaactgtg agtggaaattt ttacattca 1020
 tcaatatccc tcttgcattt catctactt ataaatatta cagtggaaaa aaaaaaaaaa 1080
 aaaaaaaaaa gtcgaaaaag gaggggggaa gagagagagg gaagaagaga gaggagaagg 1140
 aaaaaaaaaa tgggt 1155

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 522 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

50 aaaaaatattt gctggaaatt gctgtgttgcg attacaggcg tgaccactgc gccccggccac 60
 attcaatgttct tatcaaaaggaa ataaacccaga cttaatcttgcg aatgatacga ttatgccc 120
 tattaaatgttgcg aaaaatataag aaaagggttat cttaaataga tctttagggca aataccagct 180
 gatgaaggca tctgtatgcct tcatctgttc agtcatctcc aaaaacagta aaaaataacca 240
 55 ctttttgttgcg ggcaatatgcg aattttttaaa ggagtagaaat accaaatgtat agaaacagac 300
 tgcctgttgcg aaaaatatttgcg atttcttgcg gttgtttctt ttctaaatttgcg ctgttccctt 360

atttgattaa tttaattcat gtattatgt taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat 420
 taaaataatt actaattaat cacaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaca 480
 ttctaattaa aggcttgc acacaaaaaa aaaaaaaaaa aa 522

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1628 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

30 ccagctcgcc ctgcctagcc aggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60
 gcccgttcca ataggcggtc gccattggct ctggcgacct ccgcgcgttggaggtgttag 120
 cgcggctctg aacgcgctga gggccgttga gtgtcgccagg cggcgaggcc gcgagtgagg 180
 agcagaccca ggcatcgccg gcccagaagg cccggcggtcc ccacactgaa ggtccggaaa 240
 ggcgacttcc gggggcttttgcacactggcg gaccctcccg gacgtcgcc acctgaacgc 300
 gaggcgctcc attgcgctgt cgcttggagg ggcttcccg acctgatcgcc gagaccccaa 360
 35 cggctgggtgg cgtcgcctgc gctctcgcc tgagctggcc atggcgcagt gtgcgggctg 420
 aggcggagcg ggcgttctc gcccgtctgg gatcgctgt cctctctggg gtcctggcg 480
 cccgaccgaga acgcagcatc cacgacttgc gcttgggtc gaaggtggg ggcagatgcc 540
 gggcctccat gccttagtgg tggtacaatg tcactgacgg atcctgccaq ctgtttgtgt 600
 atggggctgt tgacggaaac agacaattt acctgaccaa ggaggagtgc ctcaagaaat 660
 40 gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcaagcggatt 720
 cctctgtccc aagtgtctcc agaaggcagg attctgaaga ccactccagc gatatgttca 780
 actatgaaga atactgcacc gccaacgcg tcaactggcc ttgcctgtc tccttcccac 840
 gctggactt tgacgtggag agaaactctt gcaataactt catctgttgc ggctgcgggg 900
 gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgtt ccgcgttgc cggcagcagg 960
 45 agaattctcc cctgccccctt ggctcaaagg tggtggtctt ggcggggctg ttcgtgtatgg 1020
 tggtgatctt cttccctggga gcttccatgg tctacctgtt ccgggtggca cggagggacc 1080
 aggagcgtgc cctgcgcacc gcttggagct ccggagatgaa caaggagcag ctggtgaaagg 1140
 acacatatgtt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactt gggagggag gggagactat 1200
 gtgtgagctt tttttaataa gagggttga ctcggatttgg agtgtatcatt agggctgagg 1260
 50 tctgtttctc tggggaggtt gacggctgtt tcctggcttg gcagggatgg gtttgctttg 1320
 gaaatcttc agggagctcc tcctcgcatg gcttgcgttcc tggcagcgc cccgagttgt 1380
 ttccctcgctg atcgatttctt tcctccagg tagagtttcc tttgttatg ttgaattccat 1440
 ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgtatgt tggaaatcggtt tctttgtttt gtctgatttt 1500
 tggttttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaaagaag gaaagtaaaa 1560
 55 tgtacaagtt taataaaaag gggccttccc ctttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1620
 aaaaaaaaaa 1628

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 605 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcatcagg 60
actggctta tctcctgact cacggtgcaa aggtgcactc tgcgAACGTT aagtccgtcc120
ccagcgcttgaatccctacg gccccccacag ccggatcccc tcagccttcc aggtcctca180
ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240
cgtcctggc tggctggccg tcatgctgt ctgcgcgtc cccatgtggc gcgtgacggc300
tttcatcgcc agcaacatttgc acaccccgca gaccatctgg gagggcttat ggatgaactg360
cgtggcagc agcaccggcc agatgcagtg caaggtgtac gactcgtgc tggcactgcc420
gcaggacctg caggcggccc gccccttgt catcatcagc atcatcgtgg ctgctctgg480
cgtgctgtctg tccgtgtgg gggcgaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540
35 ccaaggggcaa gaacatgatt cgtggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggcctaatt600
gggtg 605

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2731 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

10 aggggggcgg acagacacag actatgcaga tgggagtgaa gacaaggtag tagaaggtagc 60
 agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgtatgagg tagaggaaga 120
 ggctgaggaa ccctacaaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtgggttc 180
 gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccc agcaatgatc tcccgctgg 240
 actttatgtt gactgaaggg aagtgtgccc cattttta cgccggatgt ggccggcaacc 300
 15 ggaacaactt tgacacacaaa gagtaactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
 cagcagccag taccctgtat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
 aacatgccca tttccagaaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
 cccaggatcat gagagaatgg gaagaggcgg aacgtcaacg aaagaacttg cctaaagctg 540
 ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaaagtgtt atctttggaa caggaagcag 600
 20 ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtggaaagcc atgctcaatg 660
 accggccccc cctggccctg gagaactaca tcaccgtct gcaggctgtt ctcctctggc 720
 ctcgtcacgt gttcaatatg ctaaagaatgt atgtccgcg agaacagaag gacagacagc 780
 acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgca tggtggatcc caagaaagcc gctcagatcc 840
 ggtcccaggt tatgacacac ctccgtgtg tttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
 25 tgcctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagtgtat gagctgttc 960
 agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattatgtaa ccaaggatca 1020
 gttacggaaaa cgtgcctc atgccccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc 1080
 tttccctgtgaa tggagatcc agcttggacg atctccagcc gtggcattct tttggggctgl 1140
 30 actctgtgcc agccaaacaca gaaaacgaaat ttgagcctgt tgatccccgc ctcgtgcgg 1200
 accgaggact gaccactcga ccagggtctg gttgtacaaa tatcaagacg gaggagatct 1260
 ctgaagtgaa gatggatgca gatttccgac atgactcagg atatgaatgtt catcatcaa 1320
 aatttgtt ctttgcagaa gatgtgggtt caaacaaaagg tgcaatcatt ggactcatgg 1380
 tggggcgtgt tgcatacgca acagtgtatcg tcataccatc ggtgtatgt aagaagaaac 1440
 agtacacatc cattcatcat ggtgtgtgg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggagc 1500
 35 gccacctgtc caagatgcg cagaacggct acgaaaaatcc aacccataag ttctttgagc 1560
 agatgcagaa cttagaccccc gccacagcg cctctgaagt tggacagcaa aaccattgtc 1620
 tcactaccca tcgggtgtcca tttatagaat aatgtggaa gaaacaaaacc cgttttatgal 1680
 tttactcatt atcgcctttt gacagctgtg ctgtaaacaca agtagatgcc tgaacttgaal 1740
 ttaatccaca catcagaat gtattctatc tctctttaca ttttgtctc tataactacat 1800
 40 tattaatggg ttttgttac tgtaaagaat ttagctgtat caaactatgt catgaatagal 1860
 ttctctctgtt attattttatc acatagcccc ttagccagtt gtatattatt ctttgtggtti 1920
 gtgacccaat taagtccatc tttacatatg cttaagaat cgtggggga tgcttcatgt 1980
 gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgc taagtattcc tttcttgcactatgcatt 2040
 ttaaagttaa acatTTTAA gtatTTCAAGA tgcttttagag agatTTTTT TCCATGACTG 2100
 45 cattttactg tacagattgc tgcttctgtc atatttgcataatgtatc tataatgtatc aagaggatc 2160
 acacgtttgt ttcttcgtgc ctgtttatg tgacacatc aggcatgtg acttcaagct 2220
 ttctttttt tgcacacgtc tctttgggtc ttgtataaag aaaagaatcc ctgttcattg 2280
 taagcactt tacggggcgg gtggggaggg gtgtctgtc ggtcttcaat taccaagaat 2340
 tctccaaaac aatTTTCTGC aggatgtttt tacagaatca ttgtttatgtc catgtcgct 2400
 50 ttctacactg tattacataa aataatTTAA taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg 2460
 aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaatTTGG gtggggagaa gaggcagat 2520
 caatTTTCTC taaccatgtc gaagtttcat ttatgtatca aaaaagatg aaaaatggaa 2580
 tggcaatata agggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ctttttttca agatgtgtct 2640
 tcaatttgcataaaatggg ttttgcataa aataatataca ttcttggagg agccaaaaaa 2700
 55 aactatatta ctggcagggtt tataatatgg c 2731

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2194 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

25	gaattcagaa gttaatatgt ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60 tatcacctac tttatattta tatggagaga catggaggta gctgtatgt gaaatgtag 120 caactgcct acccagcag atttattcca gtggaaacaac aactgaaact tcaagtaact 180 cctcccagag tacttccaaac tctgggttg ccccaaattcc aactaatgcc accaccagg 240 cggtctgggg tgccctgcag tcaacagcca gtctttcggt ggtctcaactc tctttctgc 300 atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360 cccaatccaa atggcgctcg gaagtccaaat gtggcaagga aaaacaggtc ttcatcgaaat 420 ctactaattc cacacccccc attgacacag aaaatgttga gaatccaaa ttgattgtat 480 ttgaagaaca tgtgagaggt ttgacttagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540 ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat cccaaatagt taagacatga tttcttgaaa 600 tgtggcttga gaaatatggc cacttaatac taccttggaaa ataagaatag aaataaaaggaa 660 tgggattgtg gaatggagat tcagtttca tttgggtcat taattctata aggccataaa 720 35 acaggtaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780 gtgttactgt aattccctaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840 tagatgaagt ttacattgt tgagctattg ctgttcttgg gggactgaa ctcactttcc 900 tcctgaggct ttggatttga cattgcattt gacctttat gttagaatttgc acatgtgcca 960 ggcaatgtat gaatggaaat ctacccccc gaccaagcat cctgagcaac ttttgattat 1020 ccatatttgc tcaaattgtt ggcatttccat atcacctgtt tccattcaac aagagactat 1080 40 cattcatat tctaaacggg ttccaaagag tagtcttattt atttatttgc ttgaccggca ctaatttcaal 140 cattcatat tctaaacggg ttccaaagag aatgtttttt atttatttgc ttgaccggca ctaatttcaal 140 45 ggtgatccac cccgcctcgcc ctcccaaaatg atgttgcata ctttttacaa tttaaaaaaa 1500 cagccatcaa aatgtttttt atttgcata ttttttacaa tttaaaaaaa 1500 tgccttgcata aatgtttttt atttgcata ttttttacaa tttaaaaaaa 1500 tgccttgcata aatgtttttt atttgcata ttttttacaa tttaaaaaaa 1500 tgccttgcata aatgtttttt atttgcata ttttttacaa tttaaaaaaa 1500 50 cacaactttatactctt ctgtatatac ttttttacaa tttaaaaaaa 1500 cagaatagcc acatttagaa cacttttgt tgccttgcata aatgtttttt atttgcata ttttttacaa tttaaaaaaa 1500 ctggccttaa gcctaaaatg gggcttgatt ttttttacaa ctgcctcgac 1800 acacataaac ctttttacaa atagacactc cccgaagtct ttttttacaa ctgcctcgac 1800 ctgtatgttta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgcata ttttttacaa ctgcctcgac 1800 ttttttccat tcttttagaaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac 1980 55 ttttttccat tcttttagaaa actacatggg tccagaatgc ttttttacaa ctgcctcgac 1800 tgccttgcata aatgtttttt atttgcata ttttttacaa ctgcctcgac 1800 tatattgtgt ttttttacaa atgctttgtat ttttttacaa ctgcctcgac 1800 attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaagaa gcaaaaaaaaaa 2160 aaagaaaaaa aaaagaaaaaa aaaaagggggg aggc 2194
----	--

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1812 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:						
25	cggaagggtgg accttgatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg					
	ggccgcacgc ccaggccccg gccccgacga ggccgagggt gacacctgcc ccctgcgca					
	aggaaacatg aaacagaccc tacaggcagc tctgaagaac ccccttatca acaccaagag					
30	tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaag gtgtctatct ctttaaagc					
	taatgatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggttgtggatc tcctaataatgaa					
	gtatatttat aaaggatttg agagccgc tgacaaatgc agtgcattgt tactgcaatg					
	gcataaaaag gcacttgctg ctggaggagt agggtccatt gttcgtgtct tactgcaatg					
	aaaaactgtg tagtctggca ggaagtggat tatctgcctc gggagtggga attgtctggta					
35	caaagaccaa aacaacccaa tgccaccgcg cccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc					
	tttgccttct tgcttttca tatctgtaaa gaaaaaaaaat acatatcagt tgctctttaa					
	tgaaaattgg gataatatag aaaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa					
	accatttcag ttagtctttat accaatctgt atatagtata atttacattc aagtttaatt					
	gtgcaacttt taaccctgt tggctggttt tttgttctgt tttgtttgtt attatttta					
40	actaataactg agagatttg tcagaatttg agggcagttt cctagctcat tgctagtcag					
	gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgc aaactggacc					
	atatttcct tatttaataa gaaaaatatg tttttggaaat aagtgggtgg tgaataccac					
	tgcccaagttt tagctttgtt tttgttgc tccctgattat ctgtactgtg gtttaagta					
	tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggcccctcaa tttatgtgt gtcacccagg					
45	gttcagagca agaagtcttg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttgtgg					
	gcatgaacat caaacttttgc ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaaa ctgcaatca					
	gaaaagatga ttgcagaaaa gaaagaaaaaa ctatgggtat attttaaactc tgggcagcc					
	ctgtatgtaaa tgctactttc tttagaaata taatgtctgc cttagacatt atgaggta					
	caactgtat ttaagatacc atttaatatg cccccgtaaat gtcttcagtg ttcttcagg					
	tagttggat ctccaaaatgt ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc					
50	tcagtgtttt ctaaaaaaaaaa aactgtccac acagaaaaaa attgtttact ttgttgtggac					
	aaccataatca gttctaaaaa aatgaccgggt gtttataaaa agtttataat atcgagtagc					
	tctaaaacaa accacctgac caagaggaa gtgagctgt gtttagtatt tacatggat					
	gccagtttg taatcactga cttatgtca aactgggtca gaaattctat aaacttttg					
	ctgttttgc tacctgc ttttgcatt ttgtttgtt ttgtttttat gataaaactt					
55	cagaaaataaa aatgtcagtg ttgataaaaaaa taaaaaaaaca aattgaagaa gaggatggag					
	atttcgactt gg					

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 890 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30	aacgactcct ggtacccgtc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgctca 60 ggctcgtagt tcgcctcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgcgtccgc gcccaagaag120 ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180 gcaaggagag ctactccgt a tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgcacaccg240 gcatctccctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacat ttgcacgc300 tcgcgggtga gggttcccgc ctgcgcatt acaacaagcg ctcgcacccat acctccaggg360 agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggaggt ggcacaaagcac gccgtgtccg420 agggcaccacaa ggccgtcacc a agtacacca ggcctaagta aacttgccaa ggagggactt480 35 ttccttggaaat ttccctgatata gaccaagaaaa gcttcttatac aaaagaagca caattgcctt540 cggttacctc attatctact gcagaaaaaga agacgagaat gcaaccatc ctagatggac600 ttttccaccaa gctaaagctg gcctcttgc ttcattcaga ttccaaagag aatcattac660 aagtttaattt ctgtctccctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttccctca720 40 aagaattgtc tacattaccc atccctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780 gtacccccact ggggggttgg ggtatattc tttgtgtccctc agccctgtac cttaaaat840 ttgtatgcct tttctttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890
----	---

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2627 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

15	ggcacgagat	gtgaaaagg	ttttgtaca	ccaccccaa	aaataaaaaa	tggaaaacac	60
	accttagt	aagtagaagt	atttgagat	cttgatgcag	taacttata	ttgtgtatcc	120
	gcacctggac	cagatccatt	ttca	ggagagagca	cgatttatt	tggtgacaat	180
	tcagtgtgg	gtcgtgtgc	tccagagtgt	aaagtggca	aatgtcgatt	tccagtagtc	240
	gaaaatggaa	aacagat	aggatttgg	aaaaaaattt	actacaaagc	aacagttat	300
20	tttgaatgcg	ataagggtt	ttacctcgat	ggcagcgcaca	caattgtct	tgacagtaac	360
	agtacttggg	atccccagt	tccaaagtgt	cttaaagtgt	cgacttcttc	cactacaaa	420
	tctccagcgt	ccagtgcctc	aggtcctagg	cctacttaca	agcctccagt	ctcaaattat	480
	ccaggatata	ctaaacctga	ggaaggaaata	cttgacagtt	tggatgttt	ggtcattgct	540
	gtgattgtt	ttgcatagt	tgtggagtt	gcagtaattt	gtgtgtccc	gtacagat	600
25	cttcaaagg	ggaagaagaa	aggaaagca	gatggtgag	ctgaatatgc	cacttaccag	660
	actaaatcaa	ccactccagc	agagcagaga	ggctgaatag	attccacaac	ctggtttgcc	720
	attgtactt	ttgacttat	taaaatctt	aatagttgtt	attctgttagt	ttcactctca	780
	tgagtgcAAC	tgtggcttag	ctaattattgc	aatgtggctt	gaatgttaggt	agcatcctt	840
	gatgtttctt	tgaaacttgt	atgaatttgg	gtatgaacag	attgcctgct	ttcccttaaa	900
30	taacacttag	atttatttgg	ccagttagca	cagcatgc	ggttgttata	aagcagggt	960
	atgctgtatt	ttataaaaatt	ggccaaaaattt	gagaaatata	gttcaatag	aaattatattt	1020
	ttctttgtaa	agaaaagtggc	ttgaaatctt	tttgttca	agattaatgc	caactcttaa	1080
	gattattctt	tcaccaacta	tagaatgtat	tttatata	gttcatgtt	aaaagccctt	1140
	aaaaatatgt	gtataactact	ttgctctt	tgcataaaaa	caagaacact	gaaaattggg	1200
35	aatatgcaca	aacttggctt	ctttaaccaa	gaatattatt	ggaaaattct	ctaaaagtta	1260
	atagggtaaa	ttctctattt	tttgaatgt	tttcgggtat	ttcagaaagc	tagaaagtgt	1320
	atgtgtggca	tttgtttca	ctttttaaaa	catcccta	tgatcgaata	tatcgaat	1380
	ttcagaatca	gatgcac	ttcataagaa	gtgagaggac	tctgacagcc	ataacaggag	1440
	tgcacttca	ttgtgcgaag	tgaacactgt	agtcttgg	ttttccaaa	gagaactccg	1500
40	tatgttctt	taggttgagt	aaccactt	gaattctgtt	tacatgtgtt	tttctctccc	1560
	tccttaaaa	aagagagggg	ttaaacatgc	cctctaaaag	taggtgg	tgaagagaat	1620
	aaattcatca	gataacctca	agtacatga	gaatcttagt	ccatttacat	tgccctggct	1680
	agtaaaagcc	atctatgtat	atgtcttacc	tcatctctt	aaagcagag	tacaaagtta	1740
	gcacatgtatc	tcaggaaggt	aaccttcat	tgtcttattt	ctgttgattt	taccaagggal	1800
45	tggagaagat	aaatatagt	caggtacac	tttatactca	ggcagatctc	agccctctac	1860
	tgagtccctt	agccaagcag	tttcttca	agaagccac	aggcggaaaag	cagggactgc	1920
	cactgcattt	catatcacac	tgtttaaa	tgtgttttga	aattttatgt	ttagttgcac	1980
	aaatggggcc	aaagaaacat	tgccttgagg	aaagat	tggaaaatca	agagtgtaga	2040
	agaataaata	ctgtttact	gtccaaagac	atgtttatag	tgctctgtt	atgttccctt	2100
50	ccttgtatg	ctctggcaag	atgttttag	aaagataaaag	tttgaggaga	acaaacagga	2160
	attctgaatt	aagcacagag	ttgaagg	tacccgtt	acatgtttt	caagaatgtc	2220
	gcaattacta	agaagcagat	aatgggttt	tttagaaacc	taatttgaat	atattcaacc	2280
	aaatacttta	atgtataaaa	taatattat	acaatatact	tgtatagcag	tttctgtctc	2340
	acatttgatt	tttcaatt	taatattat	attagagatc	tatataatgt	taaatatgt	2400
55	tttgtcaaa	tttggtaactt	aaatataatag	agaccagttt	tctctggaa	tttggtaaaa	2460
	tgacagaagc	gtatatqaat	tcaagaaaat	ttaagctga	aaaatgtatt	tgctataaaa	2520
	tgagaagtct	cactgataga	ggttctttat	tgctcattt	ttaaaaaatg	gactcttga	2580
	atctgttaaa	ataaaattgt	acatttggaa	aaaaaaaaaa	qcacaaa		2627

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 976 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 5 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

25 ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagccg ctcaccggcc gcctcatcg 60
cgtcatcggt gtggcgtgg tgccctcggt cgccggcatg gcccgttgg tggatcacaa 120
ccggagaaaag tcggggaaagt acaagaagggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaa 180
gaaaccggac ttgttaggtac ccggcggggc aggggatggg gtgggttacc ggatccgg 240
atcgccccag acccaagtga gtcacgttcc ctgattcctc ggcgcaaaagg agacgtttat 300
ccttcggat tcctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accagggtta atagatcctg 360
30 gcctcagggt ctcccttctt ttcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc 420
cccttcgggt ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaaggga tggcatagcq 480
ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccggat cggttgcag taactgaatc 540
cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaatgagt ttagatggg aatagcggtt ttatgcctt 600
gggtttaaat tatttgcata gttccacttg tatcatggc taccggaga gaagagggt 660
35 ttgttaactg ggcctatgta gtggcctcat ttaccatcg ttgttattact gaccacatata 720
gcttgtcaact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaaac gcagggttgg tgcctttgag 780
gacagacatt gcccggaaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgcccactgaa 840
tattggtaat gttctttttt gtaaaatggt tgcatacatatg ttgtcttga taatgttgct 900
40 gtaattttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaaa 960
aaaaaaaaaaaa aaaaaac 976

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1427 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

15	cttcgggggt gactgcctct tccaggcg ggccgtgtgg gcacgcattt ctgtgctcca 60 actccctcag ggcctgtgtt gcccactct gctgctatga gcttcctcaa aagttcccg 120 ccgcctggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag acactgaggg tggctgtaac 180 ggaaagggcc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcgttc ttggtttagat 240
20	ggctctggat taggatctc actggaataac cccaccatata gttacatgc attatccagg 300 gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgccaa atttgaagaa 360 aatcaaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tggtaacct 420 attactgaat ttagatttgt gcctagtgtat aaatcagcgt tggaggcaat gttactgca 480
25	atgtgcgaat gccaggcctt gcatccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgt 540 ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacatttac 600 acctatgaag aaggattatc ccatacaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660 gaaggaatgc ttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctgggt caggacagaa 720
30	gattcaataa gagattatga agatggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780 cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattha tgcaagtta agattctgt 840 cctaagtgtt ggagagaact tggcctct tccactctgg agtgaagttt atgaaagtct 900 ttttcccttt cccaaaaaccac acctgaacca gttttttttt gagacagact atactgagac 960 aacaagtgtt caccacaga agatagataa tatgacctt attaactgtt tgaattaact 1020 taaccaagag ggtatttgta gtttactatt taccctaaaa ctttctgtt ctgggtaccc 1080 tctgtagtagg cctataattt ctaccttgac tggcgtcattt atttgtaaac tagcagatct 1140 atgtgggtgaa aatgcacagg agcttggtagt actgcggggg aaagagagag ctcccttcgc 1200 catgtttac cagtctgttgc ttataaccc ttaggttgta tcctttaattt ccagccctt 1260 taggttagtt tctgttaacag aacaagttagt tctggatgtt agtctcaaa gtacttcaaa 1320 tggttaatttgt tttgttttttga taatagctt acaaataaac cttagttttc tatattaaa 1380 aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa aqgttacctg ccctaataat attctqc 1427
35	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2639 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 634 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

20 ctccccgcgcg cgccgttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg caccggccc 60
gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgcccta ggcccgctag ccgcggccct cctcctcagc120
ctgtgtctgt tcggctcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcgacag cgaatgcgcc240
gacaacctca agtgcgtcag cgccggctgt gccaccttc gctctctgcc caatgataag300
gagggttccct gcccccaaggta acatccatc tttcccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
tgccaggtgg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gcccgaatgg ctgtggaaag420
25 gtgtccctgt tcactcccaa tttctgagct ccagccacca ccagggctgag cagtggaggag480
agaaaatttc tgccctggccc tgcattgtt tccagccac ctgcctccc ctttttcggg540
actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaca aaaa 634

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 719 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
35 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

5 gtcgactttt tttttttttt ttaaacatgg aaaagtattt taaaaaatcg aataatccta 60
 ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgt cttccctgcca gtctgttccct ccccatgggaa120
 gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaga gaagacaag acccgaaaaa gatgtatgcc180
 accatctatg agctgaaga agacaagagc tacaatgtca cttccgtccct gtttaggaaa240
 aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccaggtt gccagccccc cgagttcacg300
 ctgggcaaca ttaagagttt cccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
 aactacaacc accatgttat ggtgttcttc aagaaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420
 10 aagatcaccc tctacgggag aaccaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcatc480
 cgcttccca aatctctggg cttccctgaa aaccacatcg tttccctgt cccaatcgac540
 cagtgtatcg acggctgagt gcacagggtgc cgccagctgc cgacccagcc cgaacaccat600
 tgagggagct gggagaccct ccccacatcg ccacccatgc agctgctccc caggccaccc660
 cgctgatgga gccccacctt gtctgctaaa taaacatgtg ccctcaaaaaa aaaaaaaaaa 719

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

40 gtcgataacg ccagaccaa gacgccccggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
 ttgcgttcca aggcatctgt gagccccggg agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120
 cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa taaaatggtg gcagacatgt180
 ccaaggaaat ttgcgggat ttgatccctt tatgaaccctt gtgatagatg aatgtgtgaa240
 gatggcgact agtggacaac agaacaatat tggaatggtg gtaatacgag gaaatagtat300
 45 catcatgtta gaagcccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
 tcctcttcata atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acatttcat420
 attagacttt ttgtttaata aacttttgta atagtcaaaa aaaagtttgg tctcatctac480
 cttataataat ctgc 494

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- 50
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1065 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

20	acgcggctga ctacgctcaa agctccattg ttagatcctt tctgtcctcc ttccctggctc 60
	ctcccttcctc cccacccttc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
	cactctgcgc ttccacatgg ctttcattgc caagtccttc tatgaccta gtgccatca 180
	cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
	tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
	ccgcttcccc aggccgctgg tggcccttgg ctcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
25	gaactgtcaag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagatgt gtcggcctg ggggtggata 420
	ccagcccacc ttccacccttgc tccaaaaatg tgaggtgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
	tttcgcctac ctgaaggaca agctccccca cccttatgtat gaccattttt ccctcatgac 540
	cgatcccaag ctcatcattt ggagccctgt ggcggcgtca gatgtggcct ggaactttga 600
30	gaagttccctc ataggcccg aggagagacc ctccgcacgc tacagccgca cttcccaac 660
	catcaacatt gagcctgaca tcaagcgcct ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
	tcaacacaca gatctcttac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
	caggagacac tgctggacat cagcattttcc ttgatatacg tcccttcac tgcaagagcct 840
	tgcctttccc ctctgcctgt ttccctttcc tctcccaacc ctctgggtgg tgattcaact 900
35	tgggctccaa gacttgggta agctctgggc ctccacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
	ctcatgggtt gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaa 1020
	taaaggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaa 1065

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

ggactgcgggt cgtagtctc cggcgagttg ttgcctggc tggacgtgg tttgtctgct 60
 10 gcccgcgtc ttgcgtctc cgtttcat tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaa 120
 gcatatctac tactcgaca agtacttcga cgaacactac gaggaccggc atgttatgtt 180
 acccagagaa ctccaaac aagtaccta aactcatctg atgtctgaag aggagtgag 240
 gagacttgggt gtccaaacaga gtctaggctg ggttcattac atgattcatg agccagaacc 300
 acatattctt ctcttagac gaccttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg 360
 15 ggatcgtaa atctttca aatttaatgt atatgttatataaggatgtt attcagtgaa 420
 tacttgagaa atgtacaaat cttcatcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc 480
 aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgtta agataaaaatg 540
 tcttcagtc agttttctc ttaagtgcct gttttagttt actgaaacag ttactttt 600
 ttcaataaaag tttgtatgtt gcattaaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

45 ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gtccttccg 60
 acttctccaa gagggccagg cactggaga cgtgtgtct tctggcttct acccgtaacc 120
 tgtcagaca cgtacctgca gatctacggg gtcctggagc accctgaaga ctcaagacca 180
 aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
 gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgtatgaga tcttttcca 300
 50 ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaag tgaatggccg 360
 gtggagtgcc cagacacgca tctgtgacaa cggagcgggg tactgctcca acccgccat 420
 ccccatggc acaaggaagg tggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
 ctgcagccgg gggcttaccc tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aagggtggctc 540
 ttggagcggg acggagcctt cctgccaaga ctccatcgt tacgacaccc ctcaagaggt 600

ggccgaagct ttccctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
 gcacggccca gggaaacaac agaagcggaa gatcgccctg gacccttcg gctccatgaa 720
 catctacctg gtgcttagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
 aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttat ggtgtgaagc caagatatgg 840
 5 tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
 taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
 gtcagggact aacaccaaga aggccctcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga 1020
 10 tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgcccattgtc atcatctca tgactgtgg 1080
 attgcacaac atggggcccc acccaattac tgtcattgtat gagatccggg acttgctata 1140
 cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggaa ggattatctg gatgtctatg tgtttggggt 1200
 cgggccttgcgttggcgttggct tccaagaaag acaatgagca 1260
 acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa ccttggaaagat gttttctacc aaatgatgca 1320
 tgaagccatg tctctgagtc tctgtggcat gttttgggaa cacaggaagg gtaccgatt 1380
 15 ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc ccttccaaagg gacacgagag 1440
 ctgttatgggg gctgtgggt ctgagttactt tttgtctgaca gcagcacatt gtttcaactgt 1500
 ggtatgacaag gaacactcaa tcaaggtca gtttgggggg gagaaggcccc accttgggat 1560
 agaagtagtc ctatttccacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaaagaag caggaattcc 1620
 tgaattttat gactatgacg ttggccctgtat caagctcaag aataaactgaa aatatggcc 1680
 gactatcagg cccatttgc tcccctgcac cgagggaaaca actcgagctt tgaggcttcc 1740
 20 tccaactacc acttgccagc aacaaaaggaa agagctgctc cccgcagaag agcaaaaga 1800
 gctgttttgcgttggcgttggct tccggggggaa gaaaaaaaaacc gccccgggggg gg 1842

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1596 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

ggcgggtata aaagccccac ccaggccagc cggctctgtc cagcattttgg ggacgctctc 60
 50 agctctcgcc gcacggccca gtttccttca aaatgtctac ttgttacgaa atcctgtgca 120
 agctcagctt ggagggtgtat cactctacac ccccaagtgc atatgggtct gtcaaaaggct 180
 atactaactt tgatgtcgat cgggatgttt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
 gtgtggatga ggtcacattt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
 atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcatcagca ctgaagtca 360
 55 ctttatctgg ccacctggag acgggtgattt tgggcctattt gaagacacct gctcgtatg 420
 acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctggaaac cgacgaggac tctctcattt 480
 agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaaggaaat taacagatgc tacaaggaaa 540

5	tgtacaagac	tgtatctggag	aaggacatta	tttcggacac	atctggtgac	ttccgcgaagc	600
	tgtatggttgc	cctggcaaag	ggtagaagag	cagaggatgg	ctctgtcatt	gattatgaac	660
	tgtattgacca	agatgctcg	gatctctatg	acgctggagt	gaagaggaaa	ggaactgtatg	720
	ttccccaaatg	gatcagcatc	atgaccgagc	ggagggggcc	caccccaaga	aagtatttga	780
	taggtacaag	agttacagcc	cttatgacat	gttggaaagc	atcagggaaag	aggttaaagg	840
	agacacctggaa	aatgtttcc	tgaacctgg	tcagtgcatt	cagaacaagc	ccctgttattt	900
	tgcgtatcg	ctgtatgact	ccatgaaggg	caaggggac	cgagataagg	tcctgtatcg	960
	aatcatggtc	tcccgcagt	aagtggacat	gttgaaaatt	aggtctgaat	tcaagagaa	1020
	gtacggcaag	tccctgtact	attatatcca	gcaagacact	aaggcgact	accagaaaagc	1080
	gctgtgtac	ctgtgtgg	gagatgactg	aagcccgaca	cggcctgagc	gtcccgaaa	1140
	ggtgtcac	atgtttcc	ctaacagg	tagaaaaacca	gttgcgaat	aacagtcccc	1200
	gtggccatcc	ctgtgagggt	gacgttagca	ttacccccc	cctcatttt	gttgcctaag	1260
	cattgcctgg	ccttcctgtc	tagttctcc	tgtaaagccaa	agaaaatgaac	atttccaaagg	1320
	gttggaaatg	aagtctatg	tgtaaaacac	tttgcctct	gtgtactgt	tccataaacag	1380
	atgtatccaa	tgaatttgc	ctttagaaac	acgtactt	tggccctgt	tccaaatgtaa	1440
	ttgtttgaaa	attaaacgt	cttgggggtc	agctggtag	gctgtccctg	taggaagaa	1500
	gctctgggac	ttagtgcgtac	agtatggttg	ccccctatcc	agtgtcgcta	ttaagttaa	1560
	attttaaatg	aataaaataa	aataaaatca	aaaaaaa			1596

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1033 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

aaactataatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgttagtaa ataggaaaaa 840
taagtattta gttggaggga taatttgatec gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900
atattctttt cttgcatttc ttttgtttaagg tatatattctt atttgtatgg aattcttatt 960
caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa1020
5 aaaaaaaaaaa aaa 1033

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS; MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

ICLLVHFVSR AKTVNLTSY WWVITENKDL FSCSLLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60
TPVCL 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

45 ISVFRLFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIAVVRD NIAISGMLQA60
EKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60
T 61

15 :

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

20 :

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 :

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWYTLFTPPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60
35 SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

40 :

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 :

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 :

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPKK SLDFVFYKNS60
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- 10 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

25 MVADYGCTIL ILGPFPTHRNH TKWPDTYFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEgg EKTHTYKTTs60
LDTMCLPTIS SLNNFHOLRC LV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- 30 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

45 RNLVTQMKG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60
EWNQKNVVSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- 50 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFQLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
35 LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

45 (A) LÄNGE: 423 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHCKETNNS NAQNPSEE EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60
 LKSLFELIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGI FTPDNFQALL ECRINSGEEV LRKRFETTA V120
 5 NTLFCSKTQQ RQMЛЕICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180
 SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240
 RLLEKYPQAI YTLCSSCALN MWLAKSVPVM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLELDNVI300
 AVLQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCDGINSDT NIRWNNYIAG360
 10 RAFLQCSAVS DFDFIVTIVV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420
 GKY 423

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
- 15 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFRRAHQGNL ESQLTSESYY KETLSVPTVE 60
 HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTSEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120
 WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180
 KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFEDIKHDLD LMVDTYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSISGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLYFYKEI60
 LPLFLVNKLR GTDVGLEQGL SGGEWSWA 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- 5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

20 EEEERAKREEL ERIELEENNKR IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQRQQKEE60
QKIIILGKGKS RPKLFSFLKT QD 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFIIKK QHTRKAELRN60
ADVGKKEOK M 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:
SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS 60
AMYKLGY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:
RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSANTGL IVSLEKELAP120

LFEELRQVVE VS

132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60
NFLYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120
APGSTF 126

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- 30 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSPEL EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFPCGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
45 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSGV QT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

;

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

;

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFICFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGKPMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLRCRA RVLL 114

20 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

;

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

;

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

EDEVEEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTSNK VKPKKGKVRWT GSRTRGRWKY SSNDESEGSG 60
SEKSSAASEE EEEKESEEEAI LADDDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSCDSGY HTACLRPPLM120
IIIPDGEWFPC PCQHKLLCEK LEEQLQDLDV ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180
PDFSEDQEEK KKDSKKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIDEAIED DIKEADGGGV240
GRGKDISTIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

40

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

;

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

5 SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRISSG WFGRPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180
SSTSS 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 10 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPFAE YMWMENEFF NRQIEEEELWE 60
EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120
NAKEFVPGVK YGNI 134

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- 35 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

50 HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60
EPSLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120
SFSIHMYSAN GLSSS 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYYRVGFRFF RGGLFDFDFF FFYVIFGKTH SELYLVST 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

20

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIYLKC60
L 61

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

45

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNDSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- 10 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

KRDIIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHG GWRRKP 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 30 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRVVLGRP GVWLERLGHG 60
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSPP DASASGPRGG120
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRQQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRRRI GWARVSSPAG RRDRVCGGGL60
GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

20 (A) LÄNGE: 214 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35 PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60
SVESMWDWSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120
PSEQQFDPPR PLESDFVIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180
KVYYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

45 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

PNFYRGFIFN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFRSGLNRM LEPRLDSDTL60
RF 62

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WWWKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLLISRKIKQ NTSPARLTCV YIYIKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60
50 LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLLKVVMWF SFKKLLFLES RIYGVNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60
KREKGKGKRK RRGEE 75

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

40

KYTLTPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILYITSHE FLPLVTIQML PSAIIQIAQP60
FYVHNSLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

45

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

10

LFFLFYHTV PLPPKGRLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60
KTIHEE 66

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

15

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

30

TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60
ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120
FDPELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 439 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

KSLLFTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRY 60
KDCSMAALTS HLQNQSNNSN WNLRTRSKCK KDVFMPPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLLK120
EDEGVDDVNF RKVRKPKGV TILKGIPIKK TKKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

5 EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCS EQKTSGIINK240
FCSAKDSEHN EKYEDTFLS EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFFKKWTTP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360
ATIFLNRTSG KMAIPVILKF LEKYPSEAeva RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420
EYLTQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 10 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 DCGKVQTQM**Q** FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKG**V**60
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

45 SDFCQCHV**Q** VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGR**K**60
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- 50 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

15 A DSHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFF TPPGKPLGLSE 60
TLWLANHMVS LKVERLSNPP IPREFQSVDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- 20 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

35 N GGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEEICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK 60
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- 40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

5 KTEFGAQLGR HPGTSWLA VI SGSHKFVFAS QQSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60
FFHKKCIFLL Palsaerhyg QIQRQRQLSGH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

45 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60
PLPQSHQPAR GAD 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRSVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

20

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

IILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLIPFI LHFTNLQNS INWVGFHPFL AKFLKLNPLV60
RV 62

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

45

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

5 AVYCILHQOK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60
EAEEEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPEWCLD DWHPSEKAMY PDYFAKREQW120
KKLRRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWWYIVTRPR ERPM 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 10 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCMAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADVVCNI R 131

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

50 LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKLKGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDSDGERED SAAERARQQL 60
EALLNKTMRRI RMTDGRTLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPSDSFSAGE PRVLGLAMVP120
GHHIVSIEVO RESLTGPPYL 140

20

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

25

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

39

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60
LOSRSVORKO PTSVRPSVMBR MRTVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LEIJL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP·ORF

5

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPK DPMAGISTAE HHLDPTAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RCCGRQERKA60
ERRVCKNAKV TFPIVGKQC RHWFCCRQS EHLEL 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVVYVYL GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60
LVSFPSSAKR PWNLNGCFA LGGSCWWDQSF DFKPPAPWWH LSWKDVTTPG AQTACGSRTS120
30 AFGIFLPQWG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 35 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

50 TAPCCRCPAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMDAAL LWEVLGGTR ALTNLLLLGG 60
TSPGRTSQLQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120
YLRTVSA 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 5 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

DSRVCFSGN YRKVLPLRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLFPF SLFSLRSLFQ60
FPSDLPLVPL ESQRL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 25 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: i.

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

40 LGDSESMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSSST TENPEEKGR60
FP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 45 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜL TYP: OBE

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

10 PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60
QTLRSRWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 15 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

35 GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGLAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60
LRRMKKKLYIN RD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- 35 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLQ GAGLQQAKNA AYSVSLPPGC VGHLPWHLRL 60
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLPGAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPSP120

GCYRY

125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 5 (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

GRDRSCPRSPB PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCRN GLKSKYYRLC 60
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180
SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK 200

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 30 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDSMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVLHLAD EDRESEHEGH RGHNPGCGHR F 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

EIYWETDYNH SGTIDAHEMR TALKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60
LETLFKLFSL LDEDKDGMVQ LSLAEWLCCV LV 92

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

20

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

35

ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60
PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

40

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

KTTIHGPCQN HLPPPHCFLK RPGLLSKGDP IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQQFQG60
SGWHESLSLP SCSFMTNVPR TQ 82

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:
25 RPPPSSRSSL AGQTNTQHSH SARES 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:
45 TMPSLSSSRR LNSLKRVSRRIIQATKLSKL MPSLLHAYRR AMVCTWLLR VKPAFLRAVL60
ISWASMVPEW L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLEGSFFSC VSVFFSFDSL NFSISAISGL60
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

20

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

35

HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60
VSTYRISRSQ PYRVCQTWLR RKSKARRTST SDSSSRLAAV A 101

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

40

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPPSQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLAAH ASLRFACLLL LFNRFFGRQW IFLLRLCLLQ 60
FRЛИEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSEPW 100

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- 10 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

25 GLTDQYLELN ALQEELGPFG LVIЛGFPNSQ FGKQEPEGNS EILPSLKYVR PGGGFVPNFQ 60
LFEKGDVNGE KEQKFYTFLK NSCPPTAELL GSPGRLFWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDI120
PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- 30 (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

45 LMPPPYPYPL PIMQGPRRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60
PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120
WGQHLPHAH TTHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180
EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDTT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240
50 KKKRKKKKK 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:
15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

AGLSAPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60
SSGPVGGRGR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120
EGQESEGQEE GGSPPLKGPGQ GSLNLPLCLR VPTTWS 156

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 :

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:
35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHHSSS 60
DSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KKPKVKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

5

GGPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLL LLLALLLLLH FGLLGLarda 60
LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAVGGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120
TGLLGGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTCAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60
KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120
30 NQQKEKKEKK KKRSEFKGQMG RRHNL 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- 35 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PALSHLPRHQ INRKKRKRRR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60
LKKTAVKTVW VEGLSEDGFT YYYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSKV NENSLGTLDE120
SKSSDSHSDS DGEQEAEEGG VSTETEKPKI KFKEKNNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180
SNEEKSCTLK KSNPYGEWQE IKQEYESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFKE240

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

20 GKGRRKIGK VCCNGGSCPE S1PRGFKEKTW LRVRNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60
REFEEKKILOB ADG 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60
KGNEVMTQ 68

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP; ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 :

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:
 SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDNN NAGSGQQSVS VNNEHNVANV 60
 DNNNGWDSWN SIWDYGNNGFA ATRLFQKKTC IVHKMNKEVM PSIQLSDLALV KEKKLQGKGP120
 GGPPPDKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180
 WIVDISFCGD TVEN 194

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

20 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 :

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 :
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:
 VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHFVHN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60
 IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

40 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPEFMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60
LLLLALVAGE VLQDHRLALQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

5

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLSMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLLCLAE KPLAFFFFSL 60
RLWRVKYSRT TALRCWSRR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120
RSHSSFSDRF RRSLMT 136

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

30

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

45

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYYFSDK IQMPLLCGYY RNPSTGNKAH 60
FQNYHQRRPP ESYPQAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

50

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AOTPRMSPQA REDOLORKAV VLEYFTRHKR KEKKKKAKGF 60
 SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLCSG LKPDTQPQMI QAKLLKADLH120
 GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180
 GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

- 20 (A) LÄNGE: 645 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

35

PTRPVAAAGSE QQQSIFIQE RQPVALMRL SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60
 PLLSVKELRD MGITLHLLLH SDRDPIDPVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120
 FISAIISRSK EDIANAALAA SAVTOVAKVF DQYLNFITLE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180
 RPDTITDTEME TVMDTIVDSL FCFVTLGAV PIIRCSRGA AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240
 40 NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDLDF HLNRVNLEES300
 SGVNSPAGA RPKRKNNKSY DLTPVDKFWQ KHKGSPFPEV AESVQQELES YRAQEDEVKR360
 LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTSAVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420
 LDVYFYEERK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRFL LIYYISTQQA PSEADLEQYK480
 45 KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540
 LVLKQQNLPV TRILDNLMM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIVFVVG600
 GGNYIEYQNL VDYIKGKQGK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLGQK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

;

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMARQ WVIALALAAL LVVDREVPA AGKLPSRMP ICEHMVESPT 60
CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGGK C 101

;

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

QLGWIFYFMS YPLHAAHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60
SPSPVPQTRLD IWEQVGDESTM CSQMGILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120
ILG 123

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

- 50 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLSIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

25 SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60
ITVASTS 67

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- 30 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

45 TIISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKGG LOEVAEOLEL ERIGPOHQAG 60
SDSLLTGMAF FKMREMFFED HIDDAKYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- 50 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

15 PTCPHQHFM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRTVTNP 60
IYTRKRSLNI FYLLIPSCRT RLIWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120
LRCHSYYKPP ISHPIYWNNP SRMNLRGLLS RQSHLDPILR FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180
PRNRIKQPNR IKLRCR 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 :

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 LPSSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTIILCLGA LTTLFTAICA 60
LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLLGINQP HLAFLHICHT AFFKAILFIC SGSIHSLAD120
EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

45 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

FLKTTALIIS VLGFLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60
SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQKGLI KLYFISFLIN IIIIIILYSI120
NLE 123

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

NMLLAEVRIS MViRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60
30 ILLSIEFMVT QCQVVIYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120
GDSRRMKIK 129

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 35 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFFFFAIQ MNVYFLNPCHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- 5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

20 SMMLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120
TS 122

25 **2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:**

- 30 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

45 TSTTVFFFFPF HLSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60
RK 62

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- 50 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMLSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFLR GLAECSVNIID60
ECLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

20 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

GELQKSSHYH PPelfemiff VHFGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60
LCL 63

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YY SIFYHQYC SQNVQKKSFQ IT QEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60
YGGL 64

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 10 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDLAEVL60
HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- 30 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

45 ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RE LDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMRQ120
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

15 RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCRS RSSSRMARFR ALWFCRSSSS 60
GVFRRPNRNS MMVEAHWQAG AGTDTRFRER VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

- 20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KLPQNPRDHQ MQQFNPLLH IHDLCLPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAHGL GTTLHGLCHR 60
VVGLECLDLE GHSLDVGPHQ YKLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLL120
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

- 40 (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

5 KTKRSVKDAK KKGQKDVCIV LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60
SLQKSTEVMK AMQSLVCKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEEAE120
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEEEEALEA MQSRLATLRS180

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPFQSQNLQ ERWLPQRMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFP 60
50 EEHRSDEGHA KSCEDSRDGS HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

KARRRGTMMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPMKLLR 60
LGAEARTQDG GSRAWPVTR RRGAAAGPWRR RRTSGVQRTKTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120
TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWERLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YR 132

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKL DV KLIFQEVM DI PAFSKPPSSF 60
LVGLQSEPIV VSILVVHLIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120
30 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLWEDET LGCCKTSFE 159

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- 35 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

50 ATLPDALPPA TKFFLKAFFD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- 5 (A) LÄNGE: 285 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

20	AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60 SPFHDIPIYA DKDVFHMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120 YIWNYGAIPOQ TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIIGVK VLGIAMILDE180 GETDWKVIAI NVDDPPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240 FKDKDFAIIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285
----	---

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- 30 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

45 TKGLRIAQAO LCPGSPRCRS QSISSRACAL CLRPSTQPNT TYLRKPGGRK RAVGHKSPAEE60
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- 50 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DPRPSRIQHI SGNPAGASER LAIRQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

35 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:

70 (A) ORGANISMUS: MENSCH

75 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKV LSFQLGSYQQ PLACARRVSG60
DMLYSAGSRV SGRVRRLDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

80 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

85 (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

90 (B) TYP: Protein

95 (C) STRANG: einzel

100 (D) TOPOLOGIE: linear

105 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

110 (iii) HYPOTHETISCH: ja

115 (vi) HERKUNFT:

120 (A) ORGANISMUS: MENSCH

125 :

130 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQLRE ENKQFKEEDG LRMRKTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

25 VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60
GREWATWGLL CGADRTPQHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 30 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

45 SKGCSITETV TVDPGSIIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV VTTSVKGPLN 60
LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRA GCGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120
STTFLCWQIC FQIDF 135

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

15 SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLWVWP VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60
ATGQVVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFICC120
CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWGNGAS YSVNFSSFTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180
ILTILSHGI 189

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 300 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
25 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

:

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

40 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSLPL PSRHRPPPA SKPPPALARCL SDGVRLRGHG 60
EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVTTNLKL RNPSDRKVCF KVKTAPRRY CVRPNSGIID120
PGSTVTVSVM LQPFDYDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD EIMDSKLRCV180
FEMPNENDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIALL IGFFLGKFIL300

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
50 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

10 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESPKYIQKQ ISYNYSLDLQ SNVTEETPEG EEEHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSKE EAHAEDSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFID LGRPGRRGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAfpala 247

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

35 FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDH60
DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

- (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

5 PGRRGSMYDRM RRGGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60
ASSGFHGGHF VHMRLPFR A TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTBED120
AVAAMSKDKN NMQHRYIELF LNSTPGGGSG MGGSGMGGY G RDGMDNQGGY GSVGRMGMGN180
NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYYGQGG MSGGGWRGMY 220

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

AATGAGCTG GTGTTAGATG AGTTTACAG CTCACTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT 60
35 TCTGGTACT GGATTAGATG AACTCTTGT GCAAGTTACC AGTGCCTGCCG AAGAATATGA 120
AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGCT GAAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180
ACACCAAGAGA GAACAACCTGG AACGCCCTCG AAAAGATATG GGTTCTGTAG CCTTGGATGC 240
AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCCCT TCTGATTTGA TCCTGACTCG 300
ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360
CCATGAAGAG CCAGCATTCC AGAATTTAT GCAAGAACATG ATGGCACAAAT ACTGGAAGAG 420
40 AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTC TAGAAGTCCA GAATTTTGGA 480
CCTCCACGTG AAAGAACCTGT TCTTACCTCT GAACTGGGGG CTCCCCATAAG GGATAATT 540
CCTCAGAGTA GCAGGAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600
TAGAAGACCC TTGGACTCTGG CAGGTTAATG CTGATTATTC CTTGGCCTTT CCCTTGTATT 660
TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACTTC AAGTTTTATC 720
45 ATTGAACTC AAGTACTTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780
AACCACCTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840
CTCTTGACCC TGCACGTAA GTTGCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900
GCTTATCCAG AACGGTGGCA GAGCTCCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960
CCTCACACTG TATAGCTCAT TATAGGACGT CAGGTTTGTT GAAAAAAAGTG GGCAAGACAT1020
50 GATTAATGAA TCAGAATCCT GTTCATTGG TGACTTGGAT AAAGACTTT TAATTTAAA1080
AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 1105

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1088 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

ATCCAAACAA	TGGCGGCTCC	ACTAGGGGT	ATGTTTCTG	GGCAGCCACC	CGGTCCCCCT	60
CAGGCCCGC	CGGGCCTTC	GGGCCAAGCT	TCGCTTCTTC	AGGCAGCTCC	AGGCGCTCCT	120
AGACCTTCCA	GCAGTACTTT	GGTGACGAG	TTGGAGTCAT	CTTCGAGGC	TTGCTTTGCA	180
25 TCTCTGGTGA	GTCAGGACTA	TGTCAATGGC	ACCGATCAGG	AAGAAATTGG	AACCGGTGTT	240
GATCAGTGTA	TCCAGAACATT	TCTGGATATT	GCAAGACAGA	CAGAACATGTT	TTTCTTACAA	300
AAAAGATTGC	AGTTATCTGT	CCAGAAACCA	GAGCAAGTTA	TCAAAGAGGA	TGTGTCAGAA	360
30 CTAAGGAATG	AATTACAGCG	GAAAGATGCA	CTAGTCCAGA	AGCACTTGAC	AAAGCTGAGG	420
CATTGGCAGC	AGGTGCTGGA	GGACATCAAC	GTGCAGCAC	AAAAGCCCGC	CGACATCCCT	480
CAGGGCTCCT	TGGCCTACCT	GGAGCAGGCA	TCTGCCAAC	TCCCTGCACC	TCTGAAGCCA	540
ACGTGAGCAA	AGGGCAGAGG	CAGTTGGCCT	ATGAGTGGGC	TGATGCGTGA	GGTTGGCCAC	600
ACATTCCCTC	CTGTGGACTT	GACATTTGG	AAGAACTCTT	TGCCAGATAA	TGAGTTCAT	660
35 TTAGTTTAT	GCTCCCATTG	AAAAATTTC	CACTATTTT	ATAAGCTGTT	AATTCTTGA	720
GTACTTTATA	ACATGTCTGT	AGCTTGGATA	AACCAAGTAA	GTATTTTTT	TTTGTCTTTA	780
GGCAAGTTA	GACTGTGAAT	ATGATGACAC	AGATTCTTT	TTATGGTGGC	TTGCTTGTT	840
TTAAATTTTT	GCATGACTTT	TCATCTTTT	ATGTGTGTT	CCTGTAGTT	GATCCGAAGG	900
AAAAGAGTAT	AGTAGCCTGA	GAATCAGGAG	ATGGGAGTT	TAGTCGTAGG	CCTTATGATA	960
40 ATACCCCGC	GGTGGTGTGT	AGAAAAGTAT	GTAAATTGC	TCTGTTTAA	GACTTGAAC	1020
TACCTCAAGA	AGAGGAATCT	AATACAATAT	TTGTAATGTT	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	1080
	AAAAAAA					1088

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3292 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

15

ATGCCGAACT TCTGCGCTGC CCCCAACTGC ACGCGGAAGA GCACCGAGTC CGACTTGGCC 60
 TTCTTCAGGT TCCCAGGGAA CCTGCGCAGA TGCCAGAAGT GGGTGGAGAA CTGTAGGAGA 120
 GCAGACTTAG AAGATAAAAC ACCTGATCAG CTAAATAAAC ATTATCGATT ATGTGCCAAA 180
 CATTTGAGA CCTCTATGAT CTGTAGAACT AGTCCTTATA GGACAGTTCT TCGAGATAAT 240
 GCAATACCAA CAATATTGAG TCTTACCAAGT CATTGAACA ACCCACATAG TAGACACAGA 300
 AACAGAATAAA AAGAACTGAG TGAAGATGAA ATCAGGACAC TGAAACAGAA AAAAATTGAT 360
 GAAACTTCTG AGCAGGAACA AAAACATAAA GAAACCAACA ATAGCAATGC TCAGAACCCCC 420
 AGCGAAGAAG AGGGTGAAGG GCAAGATGAG GACATTTAC CTCTAACCCCT TGAAGAGAAAG 480
 GAAAACAAAG AATACCTAAA ATCTCTATTG GAAATCTGA TTCTGATGGG AAAGCAAAAC 540
 ATACCTCTGG ATGGACATGA GGCTGATGAA ATCCCAGAAG GTCTCTTAC TCCAGATAAC 600
 TTTCAGGCAC TGCTGGAGTG TCGGATAAAAT TCTGGTGAAG AGGTTCTGAG AAAGCGGTTT 660
 GAGACAACAG CAGTTAACAC GTTGTGTTGT TCAAAACAC AGCAGAGGCA GATGCTAGAG 720
 ATCTGTGAGA GCTGTATTGAG AGAAGAAACT CTCAGGGAAAG TGAGAGACTC ACACTTCTT 780
 25 TCCATTATCA CTGACGGATGT AGTGGACATA GCAGGGGAAAG AGCACCTACC TGTGTTGGT 840
 AGGTTTGTGAGT ATGAATCTCA TAACCTAAGA GAGGAATTAA TAGGCTTCCT GCCTTATGAA 900
 GCGCATGCCAA AAATTTGGC TGTGAAATTAA CACACTATGA TAACTGAGAA GTGGGGATTAA 960
 AATATGGAGT ATTGTCGTGG CCAGGCTTAC ATTGTCTCTA GTGGATTTC TTCCAAAATG1020
 30 AAAGTTGTTG CTTCTAGACT TTAGAGAAA TATCCCCAAAG CTATCTACAC ACTCTGCTCT1080
 TCCCTGCCCC TAAATATGTG GTTGGCAAAA TCAGTACCTG TTCTGGAGT ATCTGTTGCA1140
 TTAGGAACAA TTGAGGAAGT TTGTTCTTTT TTCCATCNGA TCACCCACAAAC TGCTTTAGA1200
 ACTTGACACAA GTAATTGCTG TTCTTTTCA GAACAGTAAA GAAAGGGGTA AAGAACTGAA1260
 GGAAATCTGC CATTCTCAGT GGACAGGCAAG GCATGATGCT TTTGAAATTAA TAGTGGAACT1320
 CCTGCAAAGCA CTTGTTTTAT GTTGTAGATGG TATAAATAGT GACACAAAAA TTAGNATGGG1380
 35 AATAACTATA TAGCTGGCCG AGCATTNGT ACTCTGCACT GCACTGTCAG ATTGATTTGATT1440
 CATTGTTACT ATTGTTGTC TTTAAAATGT CCTATCTTT ACAAGAGCCT TTGGGAAAAA1500
 CCTNCANCAGG GGCAAACCTC GTGATGTCCT CTTTGCGGCC GGTAGCTTGA CTNGCAGTAC1560
 TGNNCATTCA CNTCAACGAA GTGAGTGGGA AAATATTNGA AGTTTATCAT GAATTTGGT1620
 TTGAGGAAGC CACAAATTG GCAACCAAAAC TTGATATTCA AATGAAACTC CCTGGGAAAT1680
 40 TCCGCAGAGC TCACCNNAAGG GTAACCTGGAA ATCTCAGCTA ACNCTCTGAG AGTTACTATA1740
 AAGAAAACCCN TAAGTGTCCC AACAGTGGAG CACATTATTC AGGAACCTAA AGATATATTC1800
 TCAGAACAGC ACCTCAAAGC TCTTAAATGC TTATCTCTGG TACCCCTCAGT CATGGGACAA1860
 CTCAAATTCA ATACGNTCNG GAGGAACACCC ATGCTGACAT GTATAGAAGT GACTTACCCA1920
 ATCCTGACAC GCTGTCACTG GAGCTTCATT GTTGGAGAAT CAAATGGAAA CACAGGGGA1980
 45 AAGATATAGA GCTTCGTC ACCATCTATG AAGCCCTCCA CCTGCCTGAC ATCAAGTTT2040
 TTCTTAATGT GTATGCATTG CTGAAGGTCC TGTGTTCT TCCCTGTGATG AAGGTTGAGA2100
 ATGAGCGGTAA TGAAAATGGN AGCAGGAGCGT CTTTAAAGCA TATTGAGGG AACACTTGA2160
 CAGACCCAAA GGTCAAGTAA CTGGCTTTT GCTTTAACAT AAATTTGGA TATTAACAA2220
 CGACCTGGAT TTAATGGTGG ACACATATAT TAAACTCTAT ACAAGTAAGT CAGAGCTTCC2280
 50 TACAGATAAT TCCGAAACTG TGGNAAAATA CCTAAGAGAC TTTTAAATAGT AGGCTTTCTT2340
 ATATTGATA TTTGGAAGAA AAAGCCGTAA GGTGTATGTA GACCACTAA TCACTAAATA2400
 TCTTGTGCTA TAGGACTCCA TTGAATACAT TAGCCATTGA TAATCTACCT GTTTAAATGG2460
 CCCCTGTTG AACTCTCAAG CTGGAAAGAC CTACCTGTC TTCCAGAAGA GAACGTTGAA2520
 AGTGCCATGT TTCCNTTTG CGTGTCTCT GTTGTGGCA CTCTGGAAATT GTTCAGTTA2580
 55 AGTCATTTA GACATAGCAT TTATTATCAC TGTGGNATCT CTACTTGTG GGTGTTATGA2640
 ATTCTTTGNA AGNAATATA TTTTNGAAGA GGTGTGGNA GGNAAAGGAAT ACNATTAT2700
 NAAAATGTG TAGTGNAAAGN CCCACAATTN GACCTTNGA CTAATANGGA GTTTTAAGTA2760
 TNGTTAAAAA TNCTATACGT GNACAGNTT ACAAGAAATT ACCGGAGAAA AGCTTGTGAG2820
 CTCACCAAAA CAAGGNATT NCAGTGTAGA TTTTGTCTT TCTGAACNT TNAAAGAAAN2880
 60 CAAATGANCA AAGTTGAAT NGGAAAAGCC TGCTGTGTT CCNACATCTC NGTTGCTGTT2940
 NNACANTTC CNNNTTGTG GAGNCCTACN ATCTTNCTA AGCTTTTNA GCANGGTATA3000

5 TNGTTGAACA CTTCTNGTTT CATGGTGAG ACAGAACATGAG AGGCCATGGA TACTGACAAC3060
 TGATTTGTCT GTTTTTTTTC TCTGTCTTN TTCCATGACT CTTATATACT GCCTCATCTT3120
 GATTATAAG CNAAAANCCT GGANAAACCT ANCAAAATAA GTGTTGTGGT TTATCTAGAA3180
 AAATATGGAA AATATTGCTG TTATTTTG TGAGAAAAT CNAATTGTGT ATAGTTTATT3240
 TCAATCTAAA TAAAATGTGA ATTTGTTTA AAAAAAAA AAAAAAAA AA 3292

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

GGTAGAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60
 GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAGCAAA TTCAAATATA AGTTGGTCC TGAAGAAGAA 120
 ACCACTGCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAGAGGG CATCAAATTA 180
 35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAAGT TCTAGAACCA 240
 GAAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300
 AGAAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360
 GCTGATAAAA AAAGAGGGGA AGGAGAAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTTGCAA 420
 40 AAAACTGACA AAAAGGAAAT TTGAAAAAAA TCAGAGAAAG ATACAAATTC TAAAGTAAGC 480
 AAGGTAAAAC CCAAAGCAA AGTCGATGG ACTGGTTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540
 TATTCCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGGTCT GGCAGTGAAA AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600
 GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660
 45 AAATGTGGCC TTCCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGGG 720
 TACCATACTG CCTGCCCTCG CCCTCCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGGTTCTGC 780
 CCACCTTGCC AACATAAACT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTTGGAT 840
 GTTGCCTTAA AGAAGAAAAGA GCGTGGCGAA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900
 ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTCTGAAAGA TCAAGAAGAA 960
 AAGAAAAAAG ATTCAAAAAAA ATCCAAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAGAACAA1020
 50 AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTGATGAG TTTGATGAAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA1080
 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGGCCGAG GAAAAGATAT CTCCACCATC1140
 ACAGGTCACTC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTGGATG AAAAAATAAT AACGGC 1196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

```

AAGGACGCTT GCCTTTTCC GGTGGGGAA GGGGGAAGAA GTTAACCTCC GGTGACGGGG 60
TTGCATCACT TCCTCTCAAG CTTGGCGTT TGTGGTGG GGTACACGC GGGTCAACA 120
TGCATATCGA AAAGTGTAT TTCTGTCGG GGCCCATCTA CCCTGGACAC GGCATGATGT 180
TCGTCGCAA CGATTGCAAG GTGTCAGAT TTGCAAATC TAAATGTCAT AAAAACTTA 240
AAAAGAAGCG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATTCCGGAAA GCAGCTGGTA 300
AAGAGCTTAC AGTGGATAAT TCATTTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360
ACCAGCGAGA GCTATGGAAT AAAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420
AGAAGCGCCA AGCTAAATT ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAAGAG CTACAGAAAG 480
TTCAGGATAT CAAAGAAGTC AACCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCCT CTTGCAGGCA 540
AAGGGAAACA GTTGGAAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600
ATGCTCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTC TTTTATGTC ATTGAAAAT GCCCTTTGGA 660
TACTTGGAAC TGCTAAATT TTTTATTTT TACATAAGGT CACTAAATG AAAAGCGATT 720
AAAAGACATC TTCTCTGCAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780
CATCTCAGTG TAAATCTTT ACTGATAGAT GTACTTAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840
GTAACTATAG AAGTGAATTG TGAGCTAAA ATGGTTGTGC TATTGGATA ATGGCACTAG 900
GCAGCATTG TATAGTAACT AATGGCAAAA ATTCAATGCT AGTGTATGT AAAATAAAAT 960
ATTCTTGCA GTAAAATATT CCCTTGTTA ATGTTATAGA AGGGGGATA CAAAAAGGAA1020
CTAACAAATT GTATGGCAGT GTCAGATATT TTTATTTAG TATTCTCTGT TTTGGTTTAT1080
40      TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTT1140
TGACCTGGTT TAACCTTCT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200
CTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA TTTCCACTT GGAGAAACT CAGTTCCAAC1260
TTGTGATTCC TGATAGAACAA GACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAAGCAGAG1320
GAATCCCAGC GCCTTTAAA AGTTGTTATG TGGTTTCTT TAAAAAAGCT CCTGTTTG1380
45      GAAAGTAGAA TTTATGGTA CAACGTATGT TCATTATTTG TACATAAAAT AAAACCATT1440
AAAAAGTAA AAAAAGAAAAA AAAAAC

```

1467

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 739 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

CGGCTCGAGC CCCGCTCAGT CACCCGCAGC AGGCGTGCAG TTTCCCGGCT CTCCGCGCGG 60
CCGGGGAAAGG TCAGCGCCGT AATGGCGTTC TTGGCGTCGG GACCCTACCT GACCCATCAG120
CAAAAGGTGT TGCGGCTTTA TAAGCGGGCG CTACGCCACC TCGAGTCGTG GTGCGTCCAG180
20 AGAGACAAAT ACCGATACTT TGCTTGTTC ATGAGAGCCC GGTTTGAAGA ACATAAGAAT240
GAAAAGGATA TGGCGAAGGC CACCCAGCTG CTGAAGGGAGG CCGAGGAAGA ATTCTGGTAC300
CGTCAGCATC CACAGCCATA CATCTCCCT GACTCTCTG GGGGCACCTC CTATGAGAGA360
TACGATTGCT ACAAGGTCCC AGAATGGTGC TTAGATGACT GGCATCCTTC TGAGAAGGCA420
25 ATGTATCCTG ATTACTTTGC CAAGAGAGAA CAGTGGAAAGA AACTGCGGAG GGAAAGCTGG480
GAACGAGAGG TTAAGCAGCT GCAGGGAGGA ACGCCACCTG GTGGCCTTT AACTGAAGCT540
TTGCCCCCTG CCCGAAAGGA AGGTGATTG CCCCCACTGT GGTGGTATAT TGTGACCAGA600
CCCCGGGAGC GGCCCATGTA GAAAGAGAGA GACCTCATCT TTCATGCTTG CAAGTGAAAT660
ATGTTACAGA ACATGCACTT GCCCTAATAA AAAATCAGTG AAATGGAAAA AAAAAAAAAA720
30 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 739

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2146 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

	TTTTTTTTT TTTTTTTTT CCCAGGCC CTTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC	60
	CACTTGAAA TTCTTGTC TCCCCTCGC TGGAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTGA	120
5	GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTTGGTGGAT ACAAGAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAAA	180
	AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT	240
	GAACACTTAA AAGAGGAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTGAAA GCAAATTCTAT	300
	TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC	360
	TATTTAAATAA TACACCACAC TGAAATTAT TGCCAATGAA TCCCCAAAGAT TTGGTACAAA	420
10	TAGTACAATT CGTATTGCT TTCCCTTTTC CTTTCTTCAG ACAAAACACCA AATAAAATGC	480
	AGGTGAAAGA GATGAACAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTTATGCTG ACTCGATCTA	540
	AAAAAAATTA TGTTGGTAA CGTTAACCTA TCTAAAATCG GGCCCTTCG GCAAGCCTT	600
	CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTTAA	660
	GAAGTATAAT AACCTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTCTTTA TTTATTGTG	720
15	GTCATGAAGA CTATCCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACTGCT GCATTATGGC	780
	ACAAAAGACT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT	840
	GCTGGGTAAT GTTAAATGA GAACATTGGG TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA	900
	ATTGGGCTCG AGCTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTTAA ACATTACCCA	960
	GCATCATTTG TTATAATCAG AAACTCTGGT CCTTCTGCT GGTGGCACTT AGAGTCTTT	1020
20	GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG	1080
	ACACAAATA AATAAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTTGGGT TTGAAAAGG TTATTATACT	1140
	TCTTAACAAT TCTTTTTCA GGGACTTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AAACATCTA	1200
	AAATAGAGCA TTTTGGTATC TTTCATCTGA CCATCCATAT CCAATGTTCT CATTAAACA	1260
	TTACCCAGCA TCATTGTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCCT TCTGTCGGT GCCACTTAGA	1320
	GTCTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGATT TATGGAGAA TGGGGATAGT	1380
25	CTTCATGACC ACAAAATAAT AAAGGAAAC TAAGCTGCAT TGTGGTTTT GAAAAGGTTA	1440
	TTATACTTCT TAACAACTCT TTTTTTCAGG GACTTTCTA GCTGTATGAC TGTTACTTGA	1500
	CCTTCTTGA AAAGCATTCC CAAAATGCTC TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT	1560
	AATTTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAATT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGTTTCATCT	1620
	CTTCACCTG CATTTTATTT GGTGTTGTC TGAAGAAAGG AAAGAGGAAA GCAAATACGA	1680
30	ATTGTAATAT TTGTACCAAA TCTTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTCAG TGTGGTGTAT	1740
	TATTAATAG AAAAAAAAAA TTTTGGTTCAGG TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTGAC	1800
	TTATGATGAC CATTATGCA CTTTCAAATG AATTGCTTT CAAAATAAT GAAGAGCAGC	1860
	TGTCCTTCTT TCCTCTTTA AGTGTTCAGC TGTCATGGC TCAGAGGTTG TGCTGGATT	1920
35	CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTCTTT TCAGCTGTC GTGCCTTCCT TTCTTGATC	1980
	CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCCAGCT	2040
	GATGGGAGAC CAAAGAATTG GCAAGTGGAT GGTTGGTAT CACTGTAAT AAAAGAGGG	2100
	CCTGGGAATT CTTGCGATTC CATCTCTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAA 2146	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1020 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

5 CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60
 TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120
 GCAGGGTGGGT GAGGAATCC AGAGTTGCCA TGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180
 10 TCCTTGTGGC CCTCTCCTAC ACTCTGGCCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAA 240
 AGGACACAAA GGACTCTCGA CCCAACTGC CCCAGACCCCT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300
 AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAC CTCTATATAA ATCCAAGACA AGCAACAAAC 360
 CCTTGATGAT TATTGATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAGTGT 420
 TTGCTGAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCTCCTC AATCTGGTTT 480
 15 ATGAAACAAAC TGACAAACAC CTTTCTCCTG ATGGCCAGTA TGTCCCCAGG ATTATGTTG 540
 TTGACCCATC TCTGACAGTT AGAGCCGATA TCACTGGAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600
 CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTTGC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAGTTGC 660
 TGAAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAAAAATCT CCAAGCCCTT CTGTCTGTCA GGCCTTGAGA 720
 CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AAGCATAGTG AACACACTGA 780
 20 TTAGGTTATG GTTTAATGTT ACAACAACTA TTTTTTAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATTT 840
 GGTTCAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTTT 900
 CTAAAAAAAAAA AAATAAATGT TTTGGGGGTG TTCTGTTTC TCCAAAAAAA AAAAAAAA 960
 AAAAAAAAAA AAAAAAAA AAAAATTGCC CCCAAGGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGCG1020

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1652 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 30 (D) TOPOLOGIE: linear
 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
 (vi) HERKUNFT:
 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

50 AATTGGGATC CATGGGCCAC AGTGGATGGC TTGAAATGTG GCTGAGCGCT TCGGACAATT 60
 CGGATCCATG NNNNGTGGCC ACCCAAGAC GCGCCCCAGC CCGCCATGGC CCGGATCCTN 120
 NCCGGGNNTC CTGCCTCTG TCCCTGCTCC TGGCCGGNGT TTGTCCGCC GGGCCGGGGGA 180
 CAAGAGAAGT CTAAGACAGA CTGCCATGGC GGTNATGAGT GGTACCATCT ACGAGTATGG 240
 AGCCCTCACC ATCGATGGGG AGGAATAACAT TCCTTTAAG CAGTATGCAG GCAAATATAT 300
 CCTCTTGTGTC AACGTAGCCA GCTACTGAGG TCTGACAGAC CAATACCTG AACTGAATGC 360
 55 ACTACAAGAA GAACTTGGGC CATTGGCTN TGGTCATTCT GGGCTTCCCT TCCAACCAAT 420
 TTGGCAAACA GGAGCCAGGC GAGAACTCGG AGATACTCCC CAGTCTCAAG TATGTTCGNN 480
 ACCAGGTNNG GGGGCTTGT GNCTTAATTN NNNTCCAGNC TCNTTGAGA AANNGGANGA 540

TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCCTGCCCT 600
 CCCACTGCAG NAACTCCTGG GNCTCANCCT GGCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660
 CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAAGT TCCTGGTNNG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720
 TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780
 5 TACATGAGGC GGCAGGCANG CCCTGANGCG CCNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCCNNNC 840
 CACCCCTACCC CTACCCCCCTG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTTNCAGGAA 900
 GGAAGGCCACA TTCCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCCCAGA TTCTCTTNC TTNATTACAT 960
 AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020
 CCCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCCTG CNTTGAACCC CANGGGNATG1080
 10 GTCCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGGCACA ACACCCNNTC ATATTTTTT CAGCNTTTCT1140
 GTTCCAANN TGAGNNCCCA AANNGGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGGTTCTG1200
 CTCAAANCCN TGANACATNC ATTCTNTGGG GNCCANGCAT CNTCCCACAT NGCCCACACN1260
 TACACACCAC CNAGCCTCCT TCTTCCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCA1320
 AGCCNCATCC CACAGTCNT CCTGAGACCA GCCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380
 15 TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAAGGAN NGNNCCCGNA AGCCCTTGTN1440
 GGNCGGNNGC CTCCCCCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500
 GGCTCCCNAG GCANGGGACA CTACCCCCCGC GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTCACTC1560
 TGTCCACTGG TATCTCAACA CCCCATCTG CCCAGTAAAG GTCTTCTGC AGCAAAAAAA1620
 20 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA GG 1652

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

45 GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGCGCGTTA CGACTTGGCT 60
 CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCGGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120
 ACCCTCGATT GGTTTTCCCT GCCATTTAGA TGTTGAAGTA CCCCATGAAG AGCTGCAAA 180
 ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240
 50 CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTCAA AATGAGAGAA 300
 ATGTTCTTTC AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTC GTCAATTGTA TGGCCTTGGT 360
 TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGGATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420
 CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATT TTATTTGAG CTACACACAT GCTTGTATAT 480
 AGGTTTTATC TCTGGTGAA TCCCTCGAAC AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTTCAT 540
 55 GGCCCATTTC ATTGTCTGCC TTTCACTAAGT AAGTATGACC GTTCCATCT CAGATCTTAA 600
 TAAAAAGAAA AAAAAAAACG CATTCAAGTT AAATTTGCC TTAATTTAAT ATACTTGTAA 660
 GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGGAAAG CTACATCATT GAATATTTG ATAAACTTTA 720
 CCGACTTGAG TTTGGTTAT TTTCCCTTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATT 780

	ATTTCCCTGT	TTCACGTC	TCCCTTCCAT	TCTGCAGGAG	TTTAGCTAT	TTGAGATCGT	840
	GGACCATCAG	TTTGCACTT	TAGAGAGTGT	TTCTGA	AAACCTGTT	TATCAGAAAA	900
	TTTGT	CTTGATCTTA	GCTGGAAAAA	TCTGCCA	ACT TTACACAGTA	TTTACTTGGT	960
	TTTGACCCAC	AGAATATAGC	ACGTTGTGCA	AACTGTCGAT	TCAGCGAAC	TTAAAAAAGA	1020
5	CAAGAAACTA	CTGAGGAGCT	TAGTA	ACTGC TGTTCTGT	A CGTAGTGT	TTT AATCTCCAA	1080
	GCACATCTAG	TGTCTGT	CAG TTTCTAATTG	GCATGTGT	GACTGCTCTGT	GACTGAAGAA	1140
	TTTCAAAACC	AGCTTTACAC	CCTTCAGGAA	AAATCCCTGT	GATTGGATGG	TTACTATCTG	1200
	CCAGGAAC	GTACCCAGAT	GTGAAGCACA	GTTATTATGA	TAGACACTTC	CTGAGTGCTA	1260
	TTGTATCCAC	ACCATTACCT	TTTTTTTAA	ATTGGAGCCA	TCTATGAGCC	TGATTGTGGT	1320
10	CGCAACCATT	GTAAAACCCA	GAAAGCCTAG	GGATTGGCCA	ATAATTGGGG	AAATGGTGCA	1380
	GTGCCAAGGA	AATGGGATGG	CAAAAGAAG				1409

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 900 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

26 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

27 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

	CCCACGCGTC	CCGGAAACGG	CGGCGGCCGC	GACAGGACCG	AGGGGCCTTA	GTTGGTGGGC	60
40	AAGTCGGGGA	TCCCACAAAG	AGAAGCGTGA	CCCGGAAGCG	GAAACGGGTG	TCCGTCCCAG	120
	CTCCGGCCTG	CCAGTGAGCT	TCTACCATCA	TGGACCTATT	GTTCGGGCGC	CGGAAGACGC	180
	CAGAGGAGCT	ACTGCCGAG	AACCAGAGGG	CCCTGAACCG	TGCCATGCGG	GAGCTGGACC	240
	GCGAGCGACA	GAAAATAGAG	ACCCAGGAGA	AGAAAATCAT	TGCAAGACATT	AAGAAGATGG	300
45	CCAAGCAAGG	CCAGATGGAT	GCTGTTCGCA	TCATGGCAA	AGACTTGGTG	CGCACCCGGC	360
	GCTATGTGCG	CAAGTTTGT	TTGATGCGGG	CCAACATCCA	GGCTGTGTCC	CTCAAGATCC	420
	AGACACTCAA	GTCCAACAAC	TCGATGGCAC	AAGCCATGAA	GGGTGTCA	AAGGCCATGG	480
	GCACCATGAA	CAGACAGCTG	AAAGTTGCC	AGATCCAGAA	GATCATGATG	GAGTTGAGC	540
	GGCAGGCGAGA	GATCATGGAT	ATGAAGGAGG	AGATGATGAA	TGATGCCATT	GATGATCCCA	600
	TGGGTGATGA	GGAAAGATGAA	GAGGGAGATG	ATGCTGTGGT	GTCCCAAGGTT	CTGGATGAGC	660
50	TGGGACTTAG	CCTAACAGAT	GAGCTGTGCA	ACCTCCCCCTC	AACTGGGGGC	TCCTGTTAGTG	720
	TGGCTGCTGG	TGGGAAAAAA	GCAGAGGCCG	CAGCCTCAGC	CCTAGCTGAT	GCTGATGCCAG	780
	ACCTGGAGGA	ACGGCTTAAG	AAACCTGCGGA	GGGACTGAGT	GCCCCCTGCCA	CTCCGAGATA	840
	ACCACTGGAT	GCCCCAGGATC	TTTACCCACA	ACCCCTCTGT	AATAAAAGAG	ATTGACACT	900

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

```

GGGCCCGGCC CAGGC GGCTGACCT GCCTGGCGC GGGGA ACTGA AAGCC GGAAG 60
GGCAAGACG GTTCA GATTC GTCATGGGC TGTTGGAA GACCCAGGAG AAGCC GCCC 120
AAGAACTGGT CAATGAGTGG TCATTGAAGA TAAGAAAGGA AATGAGAGTT GTTGACAGGC 180
AAATAAGGGA TATCCAAGA GAAGAAGAAA AAGTGAACAG ATCTGTGAAA GATGCTGCCA 240
AGAAGGGCAA GAAGGATGTC TGCATAGTTC TGGCCAAGGA GATGATCAGG TCAAGGAAGG 300
CTGTGAGCAA GCTGTATGCA TCCAAAGCAC ACATGAACTC AGT GCTCATG GGGATGAAGA 360
ACCAGCTCGC GGTCTTGCGA GTGGCTGGTT CCCTGCAAGA GAGCACAGAA GTGATGAAGG 420
CCATGCAAAG TCTTGTAAG ATTCCAGAGA TTCAGGCCAC CATGAGGGAG TTGTCCAAG 480
AAATGATGAA GGCTGGGATC ATAGAGGAGA TGTTAGAGGA CACTTTGAA AGCATGGACG 540
ATCAGGAAGA ATGGAGGAA GAAGCAGAAA TGGAAATTGA CAGAATTCTC TTGAAATTAA 600
CAGCAGGGGC CTTGGGCAA GCACCCAGTA AAGTGA CTGAGGAGTGA TGCCCTTCCA GAGCCAGAAC 660
CTCCAGGAGC GATGGCTGCC TCAGAGGATG AGGGGGAGGA GGAAGAGGCT CTGGAGGCCA 720
TGCAGTCCCG GCTGGCCACA CTCCGCAGCT AGGGGCTGCC TACCCCGCTG GGTGTGCACA 780
35      CACT CCTCTC AAGAGCTGCC ATT TATGTG TCTCTTGAC TACACCTCTG TTGTGAGGAC 840
TACCA TTTG GAGAAGGTTG TGTTTGCTC TTTCTATTCT CTGCCAGGT TTTGGGATCG 900
CAAAGGGATT GTTCTTATAA AAGTGGCATA AATAAATGCA TCATTTTAG GAGTATAGAC 960
AGATATATCT TATTGTGGGG AGGGGAAAGA AATCCATCTG CTCATGAAGC ACTTCTGAAA 1020
40      ATATAGGTGA TTGCGCTGAAT GTCGAAGACT CTACTTTGT CTATAAAACCA CTATATAAAAT 1080
GAATTTTAAT AAATTTTGC TTTAGCACTT GGCCCCATG TAGATTGCC TGTGCAGTAA 1140
ACTTT 1145

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1836 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

	GTTCGACAT	GCAGTGGGCC	GGAGGAAC TGCTCTTG	GGCCGACGCT	AGGGGCCCGG	60	
15	AAGGGAAACT	GCGAGGGCAA	GGTGACCGGG	GACCGAGCAT	TTCAGATCTG	CTCGGTAGAC	120
	CTGGTGCACC	ACCACCATGT	TGGCTGCAAG	GCTGGTGTG	CTCCGGACAC	TACCTTCTAG	180
	GGTTTCCAC	CCAGCTTCA	CCAAGGCC	CCCTGTTGTG	AAGAATTCCA	TCACGAAGAA	240
	TCAATGGCTG	TTAACACCTA	GCAGGGAATA	TGCCACAAA	ACAAGAATTG	GGATCCGGCG	300
20	TGGGAGAACT	GGCCAAGAAC	TCAAAGAGGC	AGCATTGGAA	CCATCGATGG	AAAAAAATATT	360
	TAAAATTGAT	CAGATGGAA	GATGGTTGT	TGCTGGAGGG	GCTGCTGTTG	GTCTTGGAGC	420
25	ATTGTGCTAC	TATGGCTTGG	GACTGTCTAA	TGAGATTGGA	GCTATTGAAA	AGGCTGTAAT	480
	TTGGCCTCAG	TATGTCAAGG	ATAGAATTCA	TTCCACCTAT	ATGTA CTTAG	CAGGGAGTAT	540
	TGGTTTAACA	GCTTGCTG	CCATAGCAAT	CAGCAGAACG	CCTGTTCTCA	TGAAC TTCAT	600
	GATGAGAGGC	TCTTGGGTGA	CAATTGGTGT	GACCTTGCA	GCCATGGTTG	GAGCTGGAAT	660
30	GCTGGTACGA	TCAATACCAT	ATGACCA GAG	CCCAGGCCA	AAGCATCTG	CTTGGTTGCT	720
	ACATTCTGGT	GTGATGGGTG	CAGTGGTGGC	TCCTCTGACA	ATATTAGGGG	GTCCTCTTCT	780
	CATCAGAGCT	GCATGGTACA	CAGCTGGCAT	TGTGGGAGGC	CTCTCCACTG	TGGCCATGTG	840
	TGCGCCCAGT	GAAAAGTTTC	TGAACATGGG	TGCACCCCTG	GGAGTGGGCC	TGGGTCTCGT	900
	CTTTGTGTCC	TCATTGGGAT	CTATGTTCT	TCCACCTACC	ACCGTGGCTG	GTGCCACTCT	960
	TTACTCAGTG	GCAATGTACG	GTGGATTAGT	TCTTTTCAGC	ATGTTCCCTC	TGTATGATAC	1020
35	CCAGAAAGTA	ATCAAGCGTG	CAGAAGTATC	ACCAATGTAT	GGAGTTCAAA	AATATGATCC	1080
	CATTAAC TCG	ATGCTGAGTA	TCTACATGGA	TACATTAAT	ATATTATGTC	GAGTTGCAAC	1140
	TATGCTGGCA	ACTGGAGGCA	ACAGAAAGAA	ATGAAGTGAC	TCAGCTCTG	GCTTCTCTGC	1200
	TACATCAAAT	ATCTGTTTA	ATGGGGCAGA	TATGCATTAA	ATAGTTGTG	CAAGCAGCT	1260
	TCGTTGAAGT	TTAGAAGATA	AGAAACATGT	CATCATATT	AAATGTTCCG	GTAATGTGAT	1320
40	GCCTCAGGTC	TGCCCTTTT	TCTGGAGAAT	AAATGAGTA	ATCCTCTCCC	AAATAAGCAC	1380
	ACACATTTTC	AATTCTCATG	TTTGAGTGT	TTTAAATGAT	TTTGGTGAAT	GTGAAAACTA	1440
	AAGTTTGTGT	CATGAGAATG	TAAGTCTTT	TTCTACTTTA	AAATTAGTA	GGTCACTGA	1500
	GTAACTAAAA	TTTAGCAAAC	CTGTGTTGC	ATATTTTTT	GGAGTGCAGA	ATATTGTAAT	1560
	TAATGTCATA	AGTGATTGG	AGCTTGGTA	AGGGACCA	AGAGAAGGGAG	TCACCTGCAG	1620
45	TCTTTGTGTT	TTTAAATAC	TTAGAACTTA	GCAC TTGTG	TATTGATTAG	TGAGGAGCCA	1680
	GTAAGAAACA	TCTGGGTATT	TGGAAACAAAG	TGGTCATTGG	TTACATTCTAT	CTGCTGAAC	1740
	TAACAAAAC	GGTCCATCC	TGGAACAGGG	CACAGGTGAA	TGCATTCC	CTGCGGTTGG	1800
	CTCCCCAGTG	GCCCCCCTTC	CCATATAGGA	TGTGGG			1836

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1220 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

```

TGAAGTTCTA AGAGCTTCC AAGTTGGGA AGGTGTCCGG GTTTCTGCG ATTACTTCTC 60
TGAGCATGAA CGGAAGTCAC CCTTTGTGCC TTATGCGGTG ATTTTAATGA TAGGTGTCA 120
15 ATATAGGACC GAGTAATCTG TTTACATTCT GTTCTTCTCG ATGCACTCAC AAGCGGGTAA 180
CTAGGTGACA AGAAAACAAA GATCTTATTG AAAAGAGGTC TTACAGCAAC CCAACGTCTC 240
ATCTTCCCCT AGTAAAGATG ACGGCGCCTT GAGGTAAGCT ACAGGCAACA CCACTTCCGC 300
GTTTCTCTTG CGCCCTGGTC CAAGATGGCG GATGAAGCCA CGCGACGTGT TGTGTCTGAG 360
ATCCCCGGTGC TGAAGACTAA CGCCGGACCC CGAGATCGTG AGTTGTGGGT GCAGCGACTG 420
20 AAGGAGGAAT ATCAGTCCCT TATCCGGTAT GTGGAGAACAA ACAAGAATGC TGACAACGAT 480
TGGTTCCGAC TGGAGTCCAA CAAGGAAGGA ACTCGGTGGT TTGGAAAATG CTGGTATATC 540
CATGACCTCC TGAAATATGA GTTGACATC GAGTTTGACA TTCCCTATCAC ATATCCTACT 600
ACTGCCCAAG AAATTGCACT TCCGTGAGCTG GATGGAAAGA CAGCAAAGAT GTACAGGGGT 660
GGCAAAATAT GCCTGACGGA TCATTTCAA CCTTTGTGGG CCAGGAATGT GCCCAAATT 720
25 GGACTAGCTC ATCTCATGGC TCTGGGGCTG GGTCCATGGC TGGCAGTGGA AATCCCTGAT 780
CTGATTCAAGA AGGGCGTCAT CCAACACAAA GAGAAATGCA ACCAATGAAG AATCAAGCCA 840
CTGAGGCAGG GCAGAGGGAC CTTTGATAGG CTACGATACT ATTTTCTGT GCATCACACT 900
TAACTCATCT AACTGCTTCC CGGACACCC TCCACCTCTA GTTGTACTA AGTAGCTGCA 960
GTAGGCATTG CTGGGGAAAGA AACAAACACA CACCAAACAG TACTGCTACT TAGTTTCTAA 1020
30 GGCTGCACAG GGAAGGGAAA GACTGGGCTT TGGACAATCT AGAGGTAATT TATATCCGCC 1080
CCCAGGTGGA GCAACATGCG ATTCTGGAGG CACGGGGGTA ACTGAAAGTG AGTACATATA 1140
GTCTTCTGG TTTCTGGAGA TAACCCATCA ATAAAAGCTG CTTCCCTCTGG TAAAAAAA 1200
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1220

```

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1303 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

5 CGCAGTGCAG AGGCGTGGGG CTCTCCCTT GTCAGTCGGC GCCGCGTGC GGCTGGTGGC 60
 TCTGTGGCAG CGCGGCGGC AGGACTCCGG CACTATGAGC GGCTTCAGCA CCGAGGAGCG 120
 CGCCCGGCC TTCTCCCTGG AGTACCGAGT CTTCCTCAAA AATGAGAAAG GACAATATAT 180
 ATCTCCATT CATGATATTC CAATTATGC AGATAAGGAT GTGTTCAC A 240
 AGTACCAACGC TGGTCTAATG CAAAATGGA GATTGCTACA AAGGACCCTT TAAACCCTAT 300
 TAAACAAGAT GTGAAAAAAAG GAAAACCTCG CTATGTTGCG AATTGTTCC CGTATAAAGG 360
 10 ATATATCTGG AACTATGGT CCATCCCTCA GACTTGGGAA GACCCAGGGC ACAATGATAA 420
 ACATACTGGC TGTTGTGGT ACAATGACCC AATTGATGTC TGTGAAATTG GAAGCAAGGT 480
 ATGTGCAAGA GGTGAAATAA TTGGCGTGAA AGTTCTAGGC ATATGGCTA TGATTGACGA 540
 AGGGGAAACCC GACTGGAAAG TCATTGCCAT TAATGTTGGAT GATCCTGATC CAGCCAATTA 600
 TAATGATATC AATGATGTCA AACGGCTGAA ACCTGGCTAC TTAGAAGCTA CTGTTGGACTG 660
 15 GTTTAGAAGG TATAAGGTTT CTGATGGAAA ACCAGAAAAAT GAGTTGCGT TTAATGCAGA 720
 ATTTAAAGAT AAGGACTTTG CCATGTAT TATTAAGGAA ACTCATGACC ATTGGAAAGC 780
 ATTAGTACT AAGAAAACGA ATGGAAAAGG AATCAGTTGC ATGAATACAA CTTTGTCTGA 840
 GAGCCCCTTC AAGTGTGATC CTGATGCTGC CAGAGCCATT GTGGATGCTT TACCACCACC 900
 CTGTGAATCT GCCTGCACAG TACCAACAGA CGTGGATAAG TGTTCCATC ACCAGAAAAA 960
 20 CTAATGAGAT TTCTCTGGAA TACAAGCTGA TATTGCTACA TCGTGTTCAT CTGGATGTAT1020
 TAGAAGTAAA AGTAGTAGCT TTCAAAGCT TAAATTGTT AGAACTCATC TAACTAAAGT1080
 AAATTCTGCT GTGACTAATC CAATATACTC AGAATGTTAT CCATCTAAAG CATTTCAT1140
 ATCTCAACTA AGATAACTT TAGCACATGC TAAATATATCA AAGCAGTTGT CATTGGAAG1200
 TCACTTGTGA ATAGATGTGC AAGGGGAGCA CATATTGGAT GTATATGTTA CCATATGTTA1260
 25 GGAAATAAAA TTATTTGCT GAAACTTGGAA AAAAAAAAAA AAA 1303

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1586 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

50 CGGCTCGAGC GGCTCGAGAT TCGAGGTCGT GGTGGTCTTG GAAGAGCGTC GAGGGGGCCG 60
 TGGACGTGGA ATGGGCCAG GAGATGGATT TGATTCTCGT GGCACAACTG AATTGATAG 120
 GCATAGTGGA AGTGATAGAT CTGGCCTGAA GCACGAGGAC AAACGTGGAG GTAGCGGATC 180
 55 TCACAACTGG GGAACGTGCA AAGACGAATT AACAGAGTCC CCCAAATACA TTCAGAAACA 240
 AATATCTTAT AATTACAGTG ACTTGGATCA ATCAAATGTC ACTGAGGAAA CACCTGAAGG 300
 TGAAGAACAT CATCCAGTGG CAGACACTGA AAATAAGGAG AATGAAGTTG AAGAGGTAAA 360

AGAGGAGGGT CCAAAAGAGA TGACTTTGGA TGAGTGGAAAG GCTATTCAA ATAAGGACCG 420
 GGAAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGGAAAGAA 480
 GGGATTTGTT CTTCATAAAT CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGTTATGGA 540
 5 CCATCATTTC CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGTCTCAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600
 CCTTGGCCGC CCAGGACGTG GCGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGGCG 660
 CCCAAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAAGTC AAGTGCTTCT GCTCCTGATG TGGATGACCC 720
 AGAGGCATTC CCAGCTCTGG CTTAACCTGGA TGCCATAAGA CAACCTGGT TCCTTGTGA 780
 ACCCTTCTGT TCAAAGCTTT TGCACTGCTTA AGGATTCCAA ACGACTAAGA AATTAAAAAA 840
 AAAAAGACTG TCATTCATAC CATTACACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTAAAAAAT 900
 10 GAACTTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTGTAT TTAGAAATGT 960
 ATTGGTAGCA GGGATGTTT CATAATTTC AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACTTT1020
 GTATTGCTGC TTGCAAATAT GCATTCCAA ACTTGAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC1080
 CAGTTTAAAG CTTTCACTTC ATTTGTGTT TTTAATTAAG GATTTAGAAG TTCCCCCAAT1140
 TACAAACTG 15 TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTTAATA CCTGCTTGCG ATATTCACAC1200
 ATGGTCAACT GGGACATGTT AAACATTGAT TTGTCAAATT TTATGCTGTG TGGAATACTA1260
 ACTATATGTA TTTTAACTTA GTTTAATAT TTTCATTTC GGGGAAAAAT CTTTTTCAC1320
 TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCTTAT ATACAGAAAT ATCAGTACTT1380
 GAACAAATTC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCATT1440
 TGGGTCCAA ATTATAACTG ATTTACATT TCAGCGATAT TACTTTAAA TGCCCTGAGTT1500
 20 CCCATTAAATCTAAACTAG ACACCTAATG GGGAAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA1560
 CGGGCCAG 1568

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 :

- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:
 KQVKCAKVSY LLFLFQYCAI DSCIKFWNAG SSWLSSVTLW SMSSVLSAS NVGRVRIKSE 60
 GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YSLSYSSAAL120
 VTCTKSSSNP VPRTAETPTT LSEL 144

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- 50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

Name: 275 Len: 143 Check: 15DA
MSVLDEFYS SLRVVGSAV LGTGLDELFV QVTSAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60
10 QQRQLERLR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120
HEEPAFQNFN QESMAQYWKR NNK 143

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

15 (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

IIPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
35 LRNELQRKDA LVQKHLSKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKPI80
T 181

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVGQQGAL60
 RDVGGGLFVLH VDVLQHLLPM PQLCQVLLD 89

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

5

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

25

MPNFCAAPNC TRKSTQSMLA FFRFPRDPAR CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60
 HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNNPHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120
 ETSEQEOKHK ETNNNSNAQNP SEEEGEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLF EILILMGKQN180
 IPLDGHEADE IPEGLFTPNDN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240
 ICESCIREET LREVRDSHFF SIITDDVVDI AGEHLPVLV RFVDESHNLR EEFIGFLPYE300
 ADAEILAVKF HTMITEKWGL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360
 SCALNMWLAK SVPVMGVSA LGTIEEVCSF FHXITTTAFR T 401

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

35

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

50

MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSNL PNPDTLSAEL HCWRRIWKHR GKDIELPSTI 60
 YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERGYENGTK ASLKHI 106

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

15

GRLPFSGRGR GKKVTSGDGV ASLPLKLGLRL FGGVTRGFNM RIEKCYFCSG PIYPGHGMMF 60
VRNDCKVFVF CKSKCHKNFK KKRNRPKVWR TKAFRKAAAGK ELTVDNSFEF EKRRNEPIKY120
QRELWNKTID AMKRVEEIKQ KRQAKFIMNR LKKNKEHQKV QDIKEVKQNI HLIRAPLAGK180
GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP 202

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

40

IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTFRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRTE60
ITLFDTTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

45

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

10 RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVS AVMAF LASGPYLTHQ QKV LRLYKRA LRHLESWCVQ 60
RDKYRYFACL MRARFEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120
YDCYKVPEWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRRESW EREVQLQEE TPPGGPLTEA180
LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

35 PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

40 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

5

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

25

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

30

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45

RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
KKDTKDSRPK LPQTLRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIIHHLD ECPHSQALKK120
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180
YAYEPADTAL LLDNMKALK LLKTEL 206

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

15 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

20 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

GGXGXQLLXP XAXQGXPAAS CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60
MDLGFPKEX GQXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLPSX TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120
WXRTYLRRLGS ISEFSPGSSL PNWLEGKPRM TXAKWPKF160

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

45 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

RHXPLXLGXH GHRAHSCLGW SQXALwdxaw GLXXXGSXQX RKKEAXWCVX VGXVGXCXXP 60
XEXMXXGFEQ NXXGPXNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXXMDH XXGFQXRQIR120
GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFM 150

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

- 15 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

30 RAAKILKGGL QEVAEQLELE RIGPQHQAGS DSLLTGMAFF KMREMFFEDH IDDAKYCGHL60
YGLGSGSSYV QNGTGNAYEE EANKQS 86

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLSIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 5 (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (iv) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xii) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

20 ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETOEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTILKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNQ120
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEEMMNDA IDDPMGDEED EEESDAVVSQ VLDELGLSLT180
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAAEAASALA DADADLEERL KNLRRD 226

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 25 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (iv) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xiii) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

40 KILGIHWLSR SGRGTQLRR FLSRSSRSAS ASARAEAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60
SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSPMGS SMASFIISSF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120
FSCLFMVPMA LVTPFMACAI ELLDLSVWIL RDTAWMLARI NTNLRD 166

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

- 50 (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

15 KPEGARRVQF VMGLFGKTQE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDQQR EEEKVKR SVK 60
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120
VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTVE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEPPGAMAA SEDEGEEEEA LEAMQSRLAT LRS 233

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

- 20 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

40 LMPFQSQNLO ERWLPQMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120
SAHEALLKI 129

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- 45 (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

5

TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHFAFTKA SPVVKN SITK NQWL LTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGA AVGLG ALCYY GLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYV KDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
10 MLVRSI PYDQ SPGP KHLAWL LHSGVMGAVV APLTI LGGPL LIRA AWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLG VGLGL VFVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGG VLFSMFL LYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

15

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPavyHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

40

- (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YRGKGICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHLMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGVI180
QHKEKCNQ 188

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

- 10 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

SKFGHIPPGPO RFEMIROQAYF ATPVHLCCLS IQLRNCFWG SSRICDRNVK LDVKLI FQEV 60
MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120
DLRHNTSRGF IRHLGPGRKRAAEVVLVPVAY LKAPSSLLWE DETLGCKTS FE 172

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

- 30 (A) LÄNGE: 320 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKDVFHMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKKGKLR YVANLFPYKG120
50 YIWNYGAIPQ TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKG ISCMNTTLSE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300
CESACTVPTD VDKWFHHQKN 320

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 5 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RVLCSNLHFC IRPAWFNYH VKHILICINW NIMKWRYIIS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60
AEEAAHSAGVL PPPLPQSHQP ARGAD 85

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

40 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESPKYIQKQ ISYNYSLDLQ SNVTEETPEG EEEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMLTD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSKE EAHAEDSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGGRGRR PNRSRTDKS SASAPDVDDP240
45 EAFTPALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL TYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
VHLVLPQRHV LGGQGLQN 78

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

26 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

35 ATRGAEQDG ASAARP RRRW AGGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60
VDPRKDAHSN LLAKKETS NL YKLQFH NVKP ECLEAYNKIC QEVL PKIHED KHYPCTLVGT120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARS DMLLS RKNQLL EFS180
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRP GTMIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV240
HHLWAYRD LQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVP LIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

(A) LÄNGE: 208 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHFLNKWNC VIYQFLPAMF VPCCIPYVFP GLKIPVSPKM 60
VHHVQLPNLR EESSDGFTI LSEADCTSPV IAPFNHGSWS ELVRPEFIYI RSGSWHRLIP120
ETELQQELIL PGEKHVTSCS TKFQKFLIFS EFIHDFCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180
PSPHQSTRVV FIFVNLWQHL LTNFVVCF 208

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
5 umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
 - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
20
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovariumgewebe erhöht exprimiert sind.
25
4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
30
5. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
35
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
40
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
45
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.
50

9. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

5

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

10

11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

15

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

20

13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

25

14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

30

15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

35

16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.

40

17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

45

18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

50

19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.

5

21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.

10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15 23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.

20 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30 27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

35 28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.

35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.

40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.

45 31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 5 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 10 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- 15 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 16 36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 30 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 40 41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

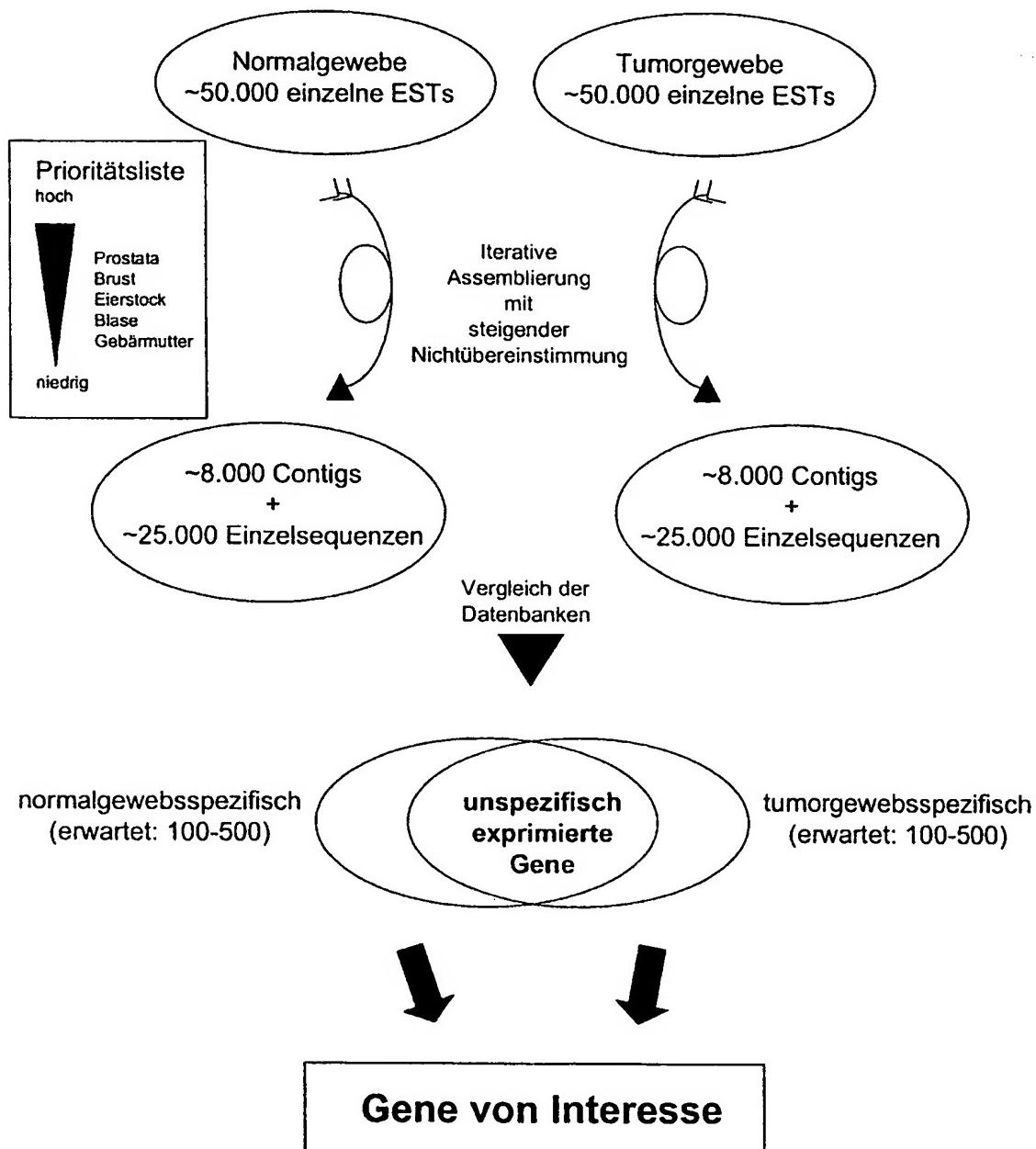


Fig. 1

ERSATZBLATT (REGEL 26)

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

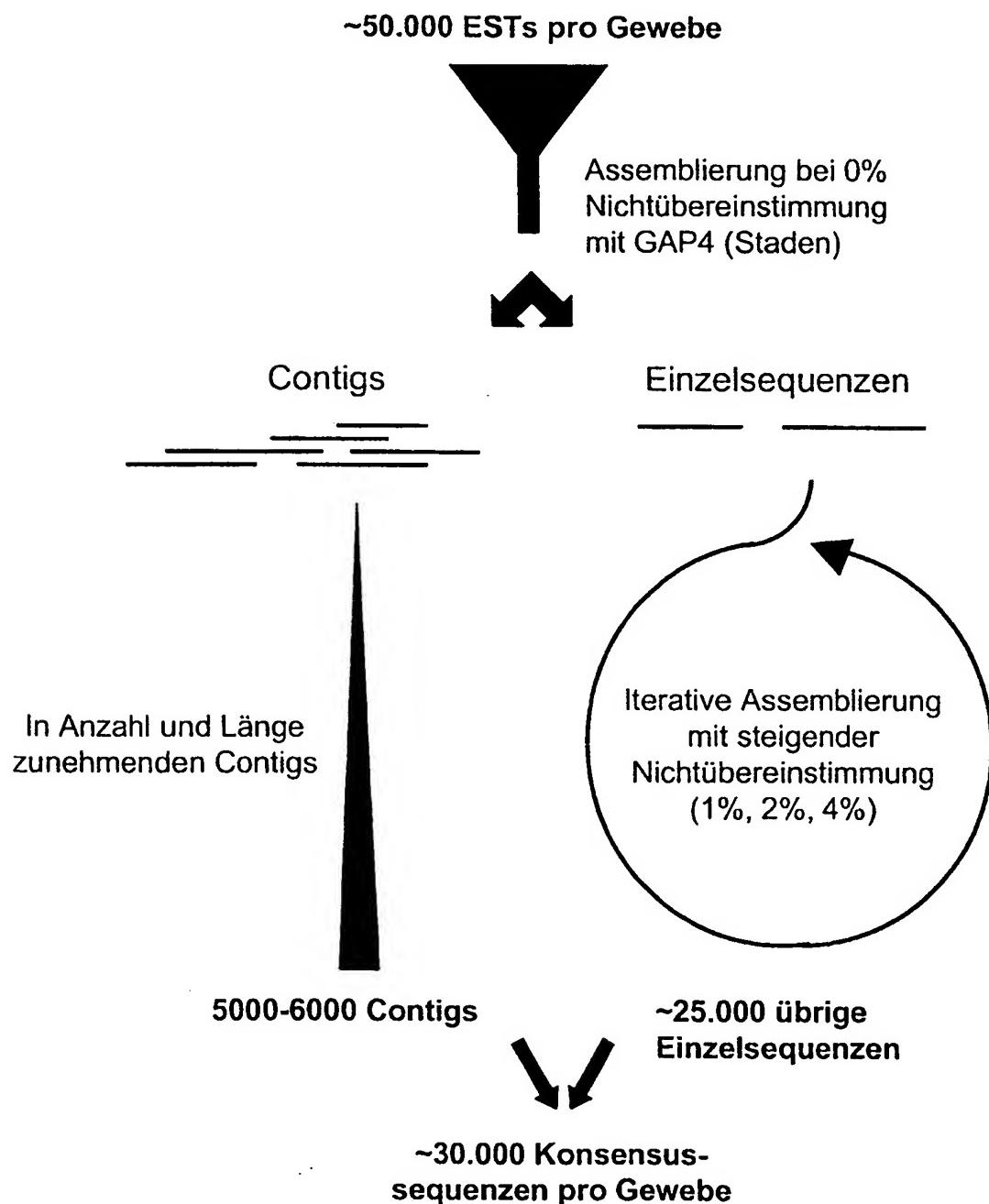


Fig. 2a

3/10

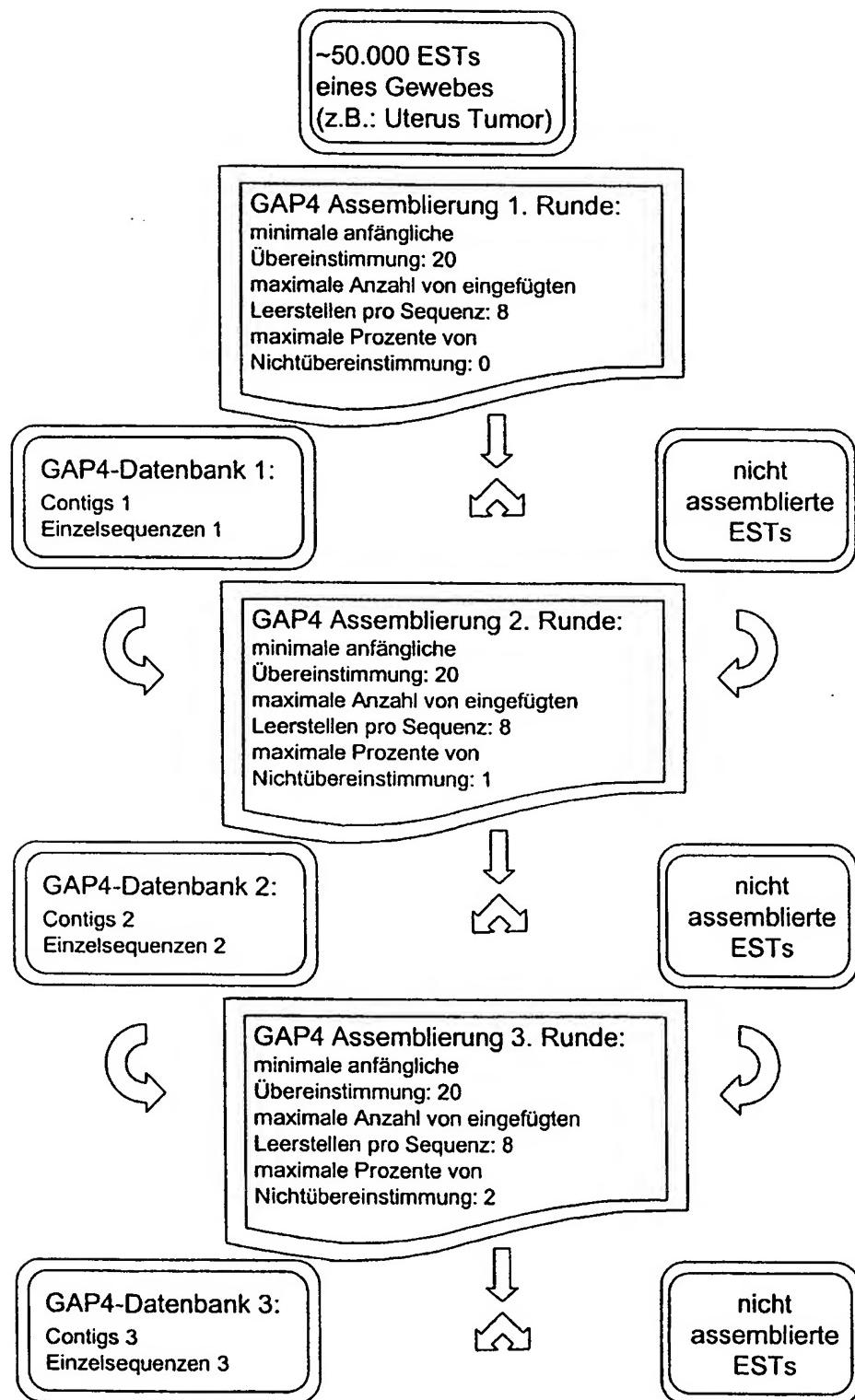


Fig. 2b1

4/10

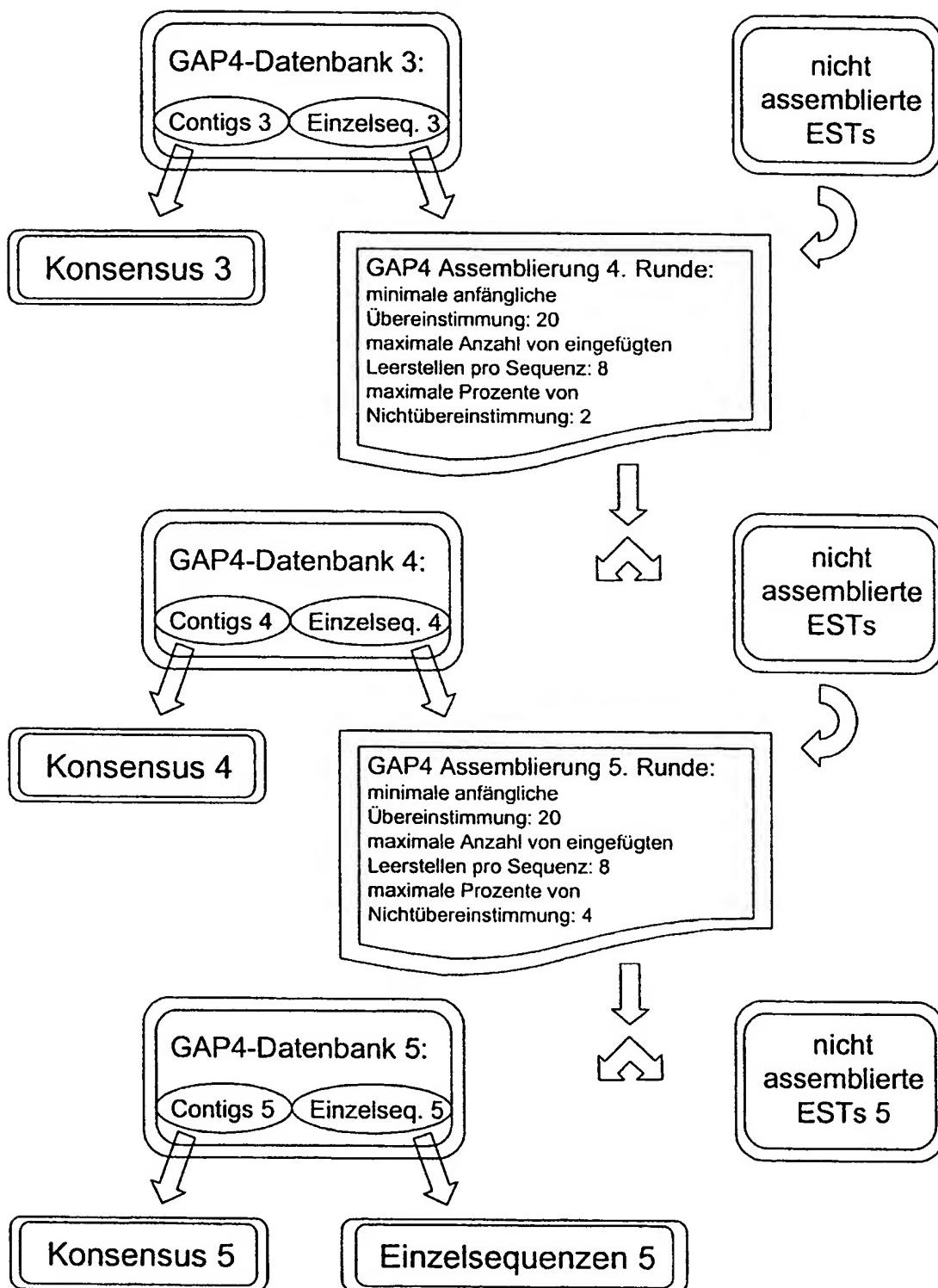


Fig. 2b2

5/10

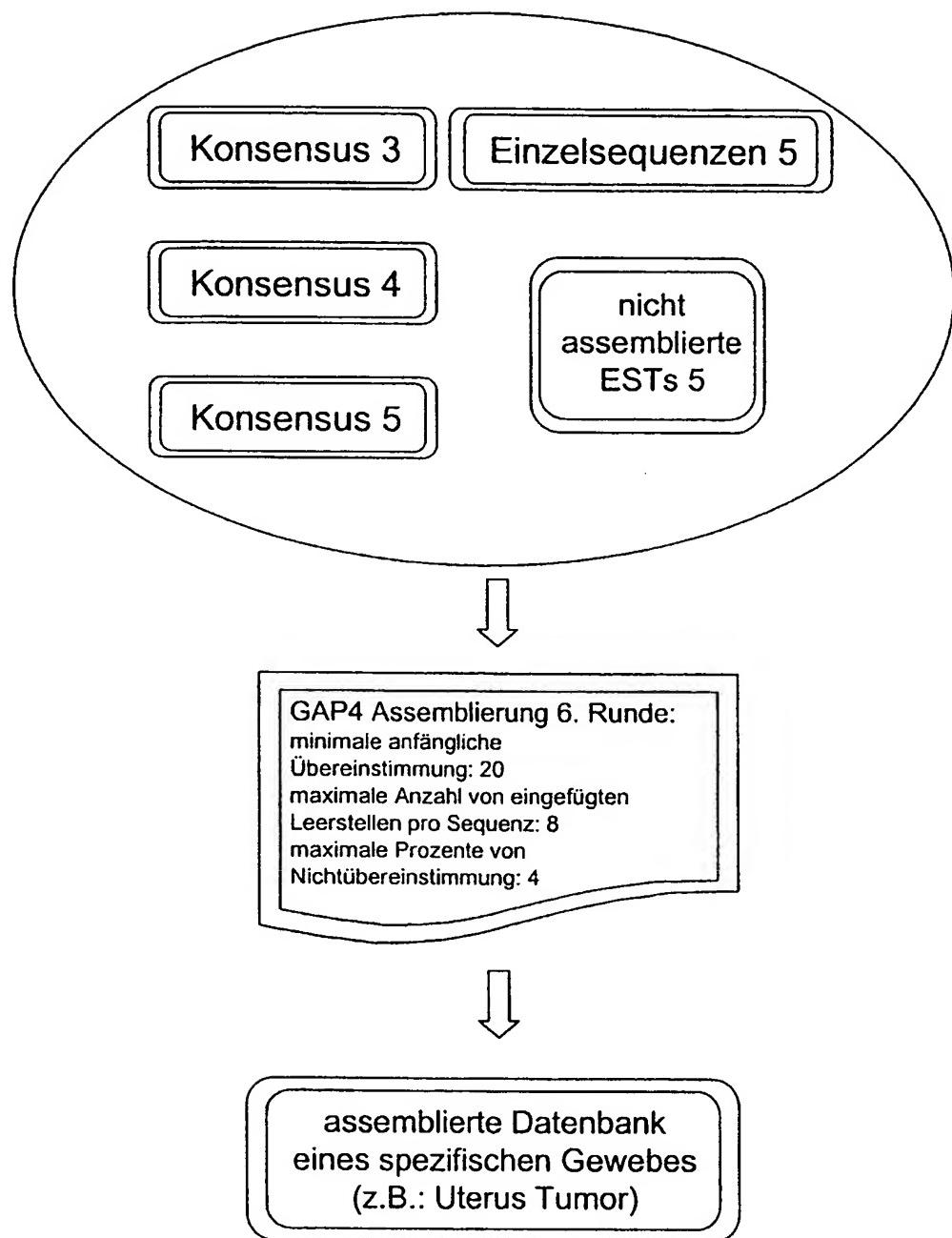


Fig. 2b3

6/10

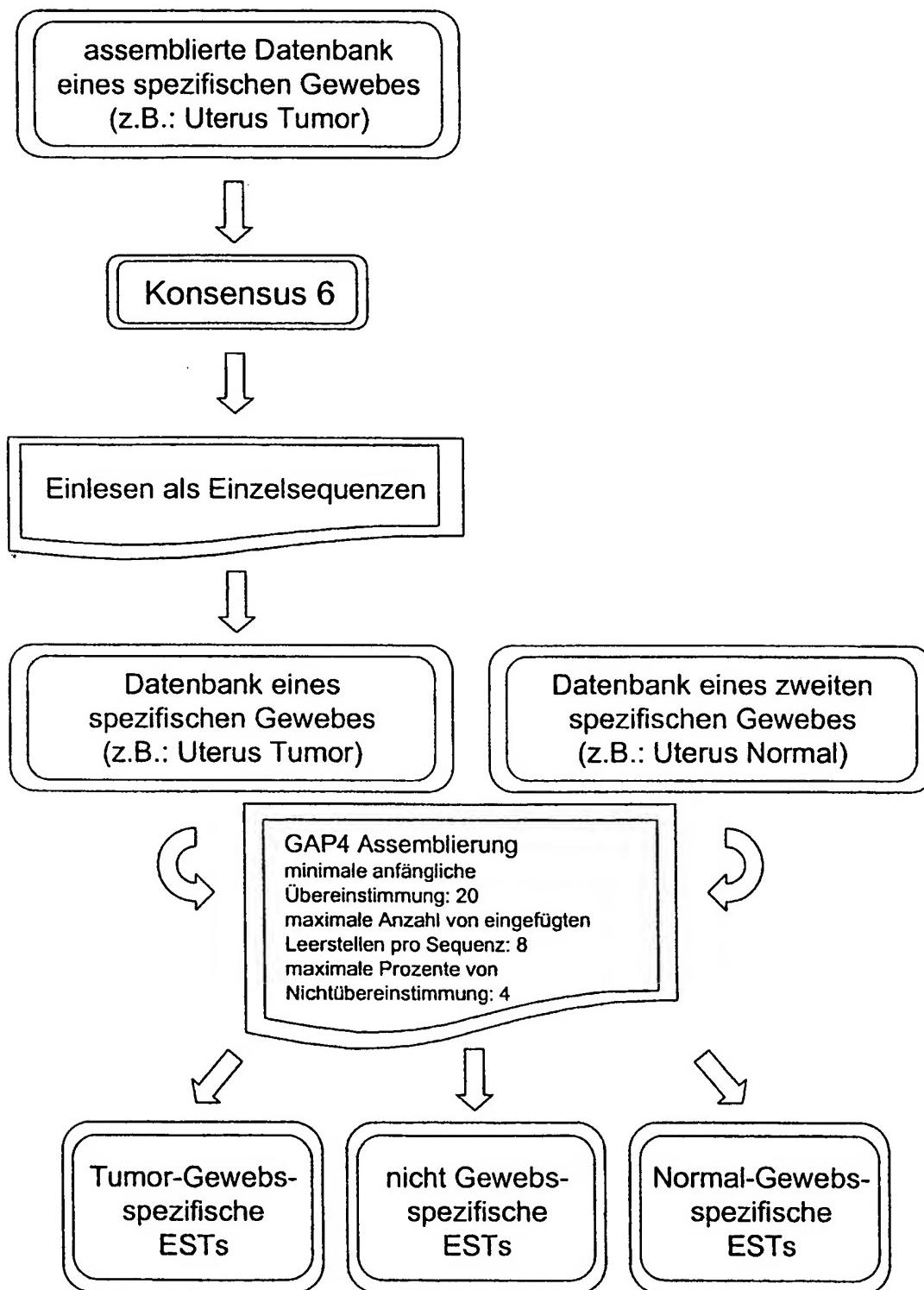


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Tumorgewebe

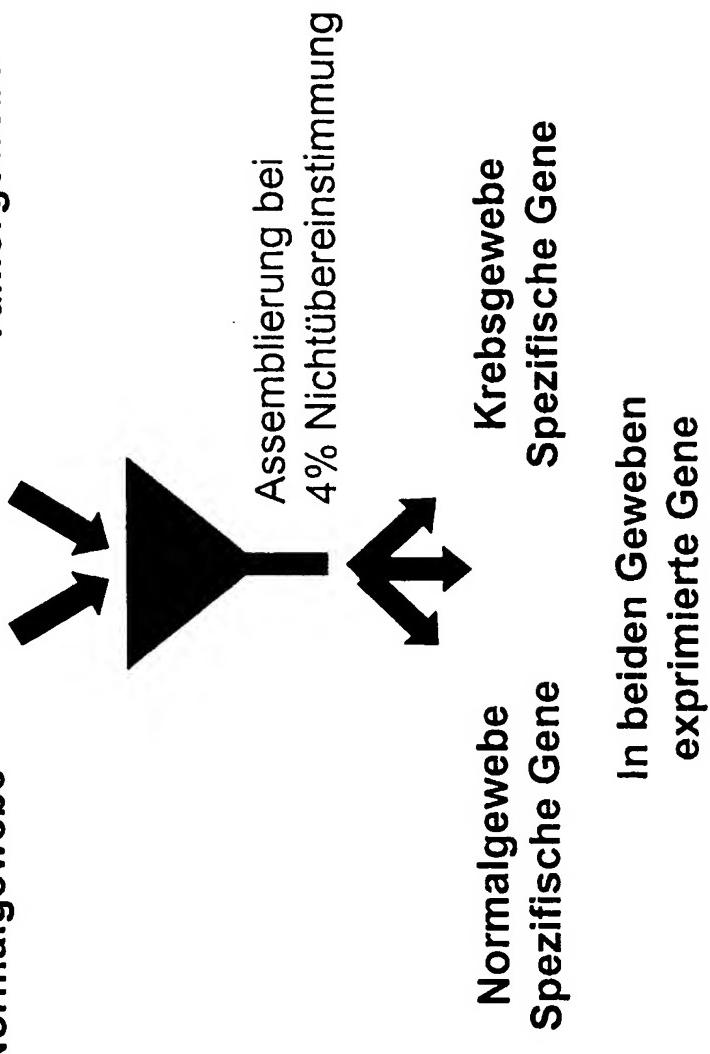


Fig. 3

8/10

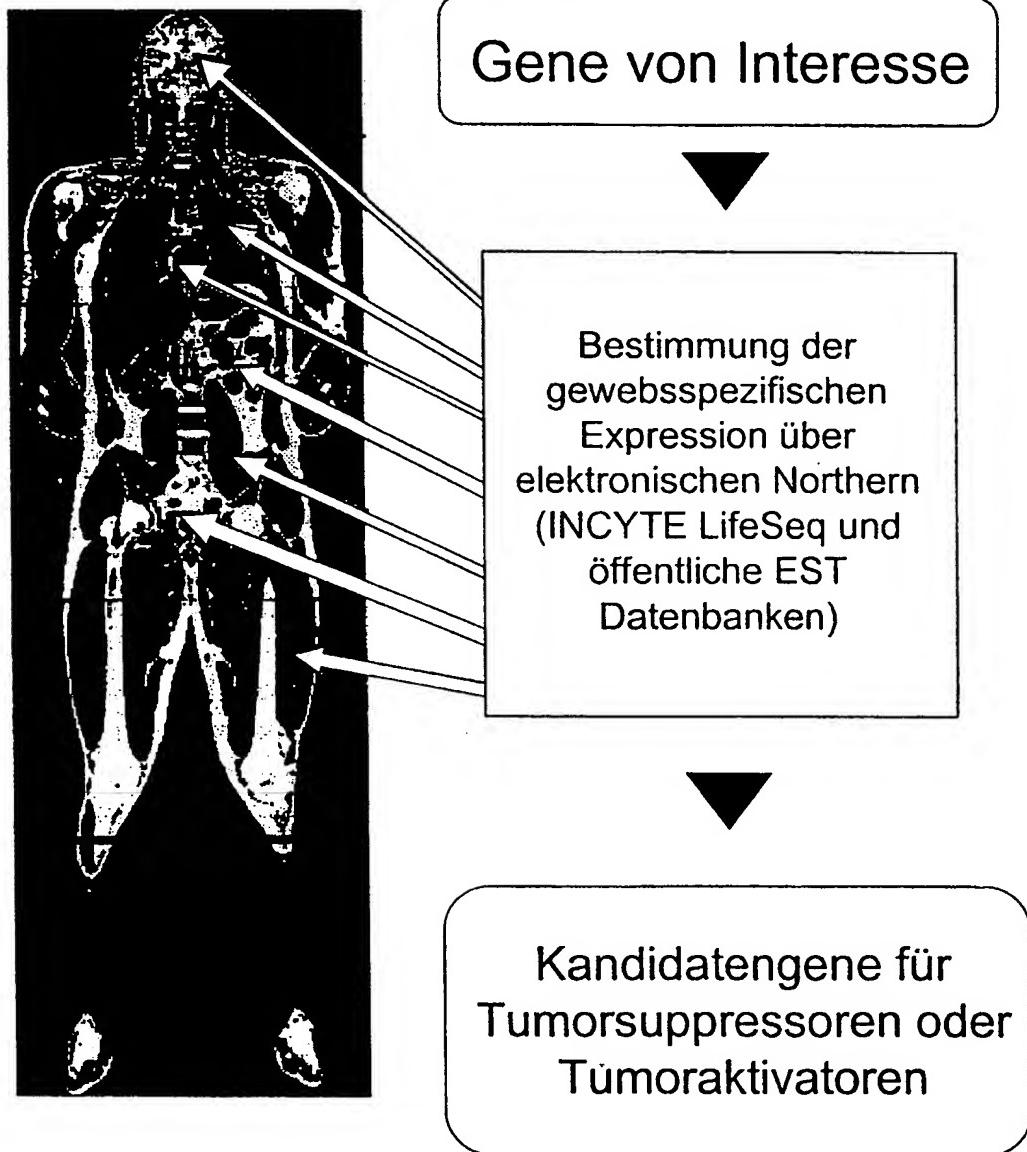


Fig. 4a

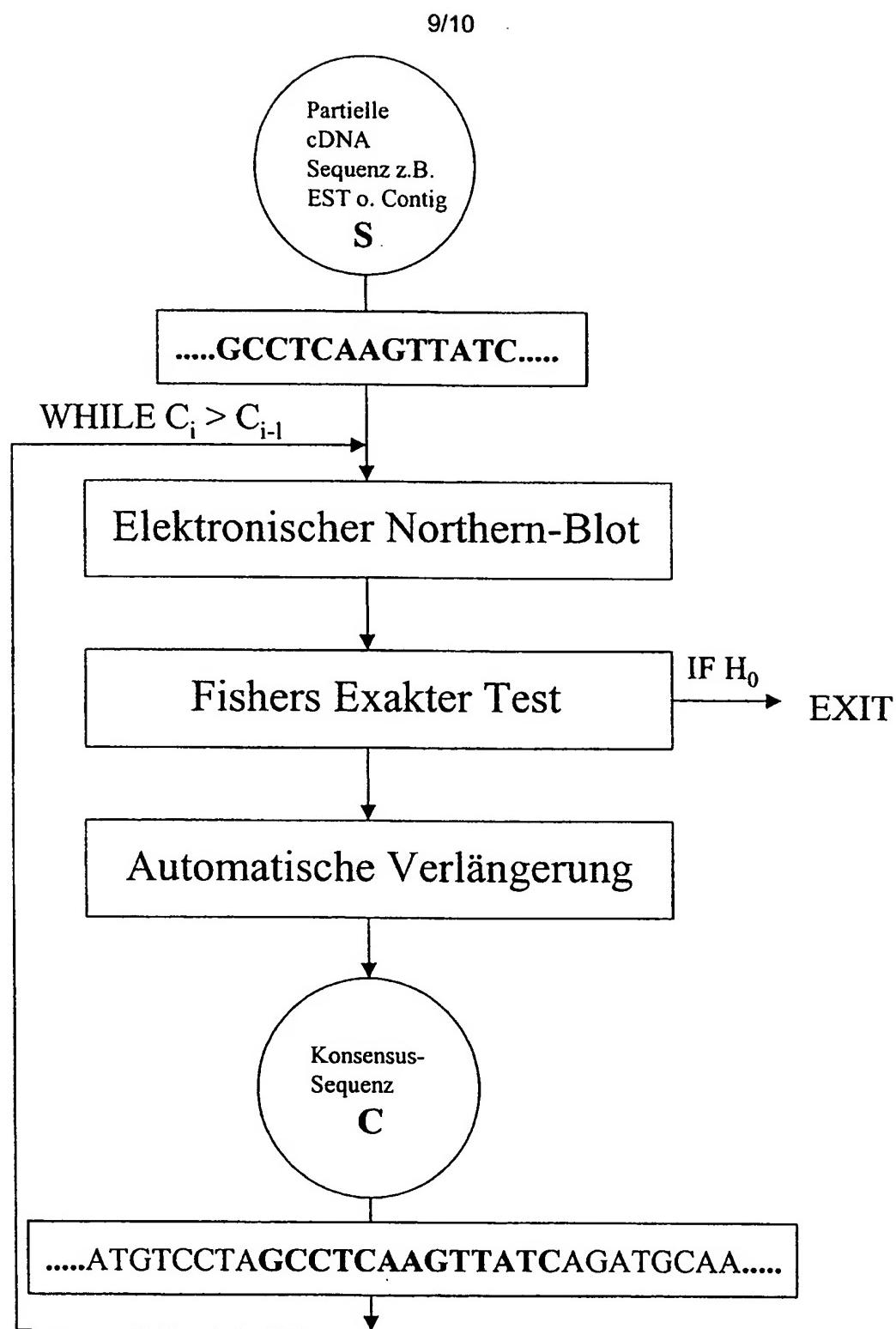


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



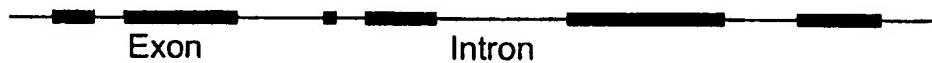
Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

ERSATZBLATT (REGEL 26)